

FIG 1

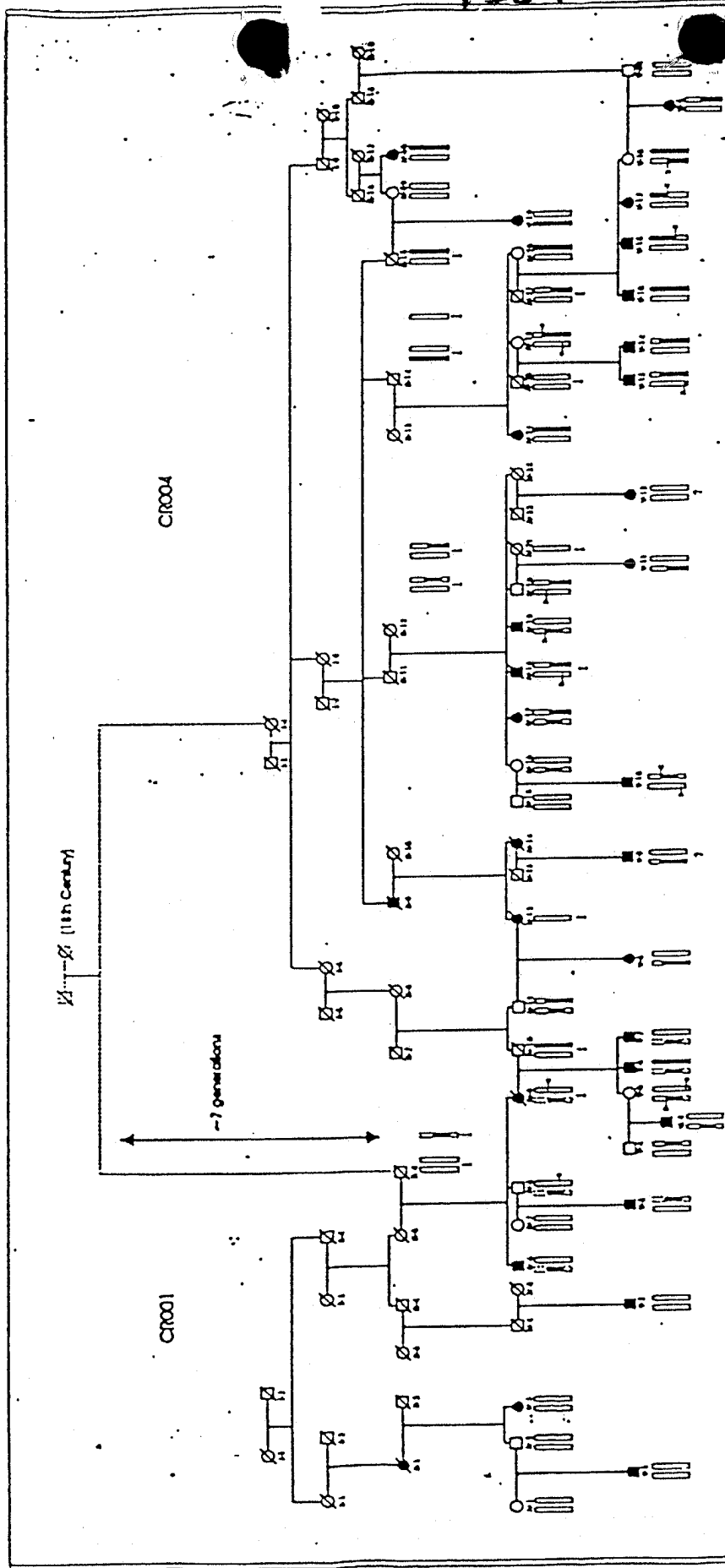


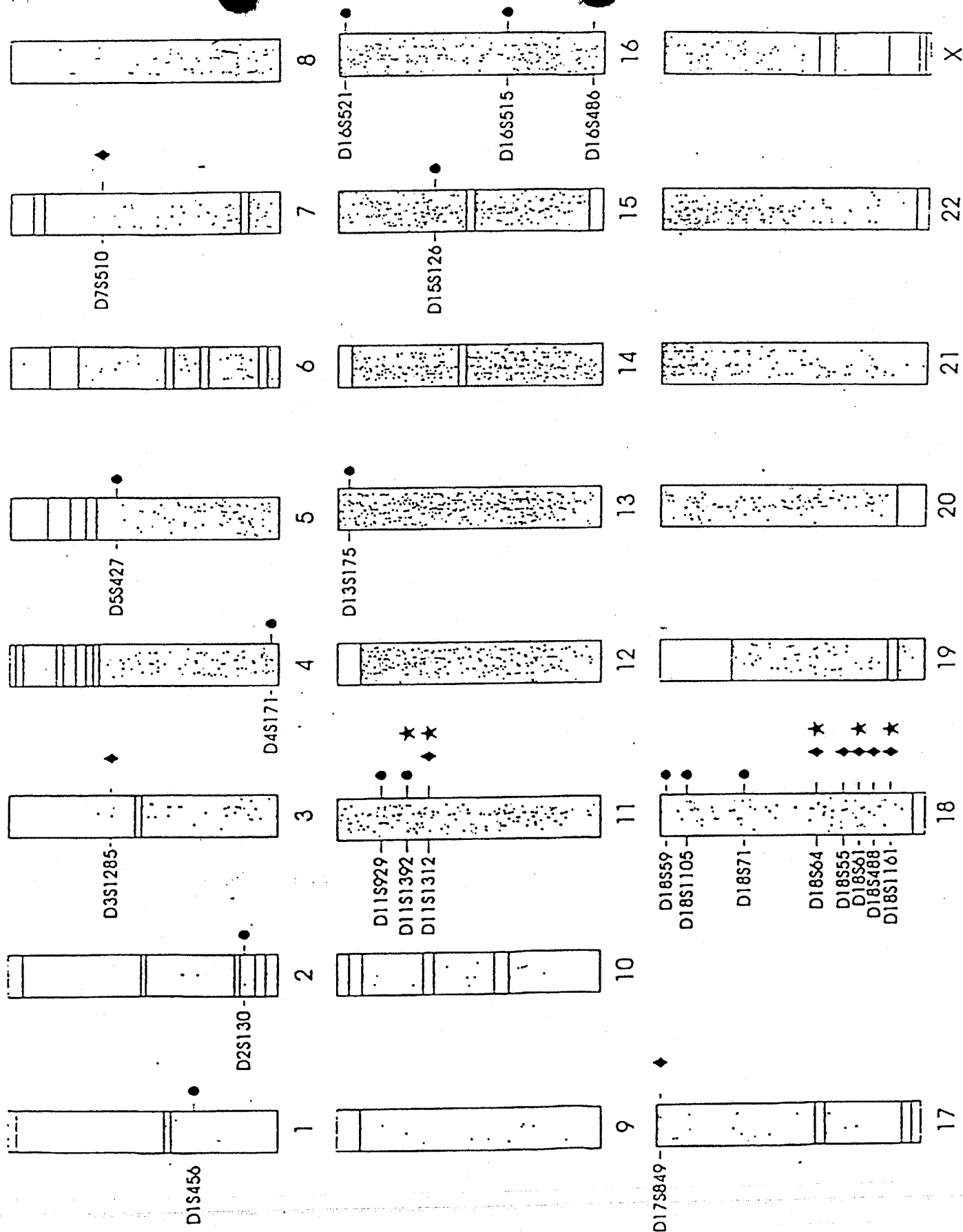
Figure 2

Table 1. Lod scores for markers exceeding the arbitrary coverage thresholds.

Marker Name	distance from pter	Family CR001		Family CR004		Combined	
		$Z_{\max} \geq 0.8$	Theta	$Z_{\max} \geq 1.2$	Theta	$Z_{\max} \geq 1.6$	Theta
<i>D1S456</i>	224.6	1.32	0.0	0.0	0.50	0.0	0.50
<i>D2S130</i>	230.1	0.89	0.0	0.12	0.35	0.36	0.26
<i>D3S1285</i>	91.0	0.00	0.50	2.59	0.00	1.15	0.16
<i>D4S171</i>	207.9	1.07	0.07	0.01	0.05	0.22	0.29
<i>D5S427</i>	69.6	1.39	0.0	0.0	0.50	0.7	0.18
<i>D7S510</i>	60.5	0.04	0.40	2.04	0.0	0.82	0.17
<i>D11S929</i>	36.3	0.80	0.11	0.03	0.42	0.43	0.24
<i>D11S1392</i>	38.6	0.86	0.07	0.90	0.23	1.58	0.19
<i>D11S1312</i>	42.0	0.47	0.13	1.77	0.0	1.95	0.05
<i>D13S175</i>	7.4	0.83	0.0	0.0	0.50	0.24	0.15
<i>D15S126</i>	45.5	1.09	0.0	0.0	0.48	0.06	0.40
<i>D16S521</i>	4.6	1.46	0.0	0.41	0.26	1.18	0.17
<i>D16S515</i>	94.8	0.93	0.09	0.01	0.46	0.39	0.25
<i>D16S486</i>	133.6	0.27	0.19	1.29	0.20	1.60	0.20
<i>D17S849</i>	0.60	0.0	0.50	1.22	0.07	0.32	0.14
<i>D18S59</i>	1.1	1.43	0.0	0.0	0.50	0.02	0.46
<i>D18S1105</i>	2.8	0.97	0.0	0.01	0.47	0.01	0.46
<i>D18S71</i>	43.8	0.96	0.0	0.0	0.50	0.0	0.50
<i>D18S64</i>	84.0	0.33	0.11	1.34	0.15	1.67	0.13
<i>D18S55</i>	95.5	0.0	0.50	2.09	0.13	1.51	0.18
<i>D18S61</i>	103.8	0.0	0.50	2.26	0.12	1.94	0.16
<i>D18S488</i>	105.6	0.0	0.50	1.26	0.14	1.02	0.19
<i>D18S1161</i>	113.0	0.0	0.50	1.79	0.16	1.76	0.17

Markers for which lod scores exceeded the arbitrary thresholds used for genome coverage calculations (in bold). Z_{\max} is the maximum likelihood estimate of the lod score at the corresponding value of the recombination fraction (theta).

FIGURE 3



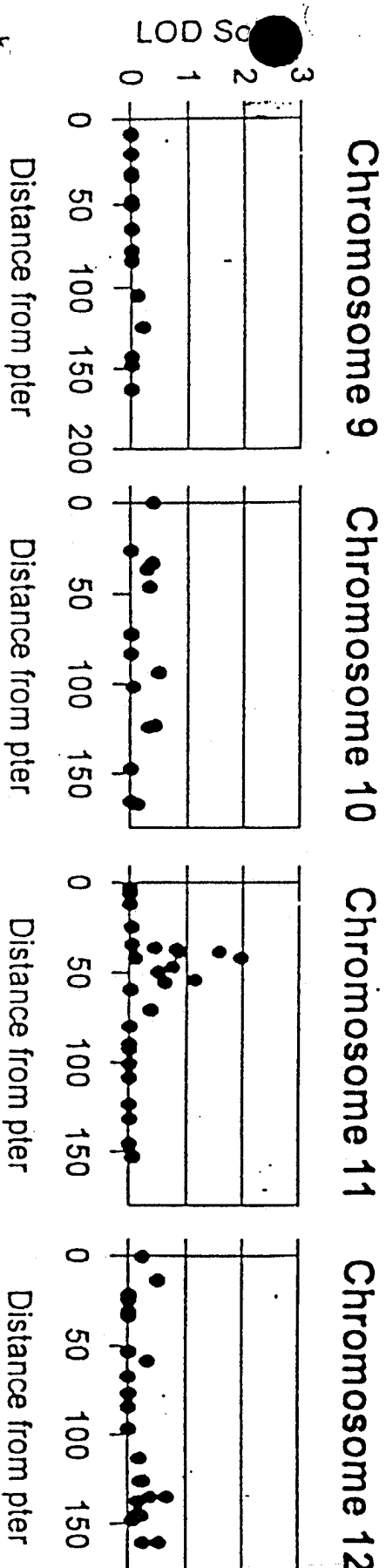
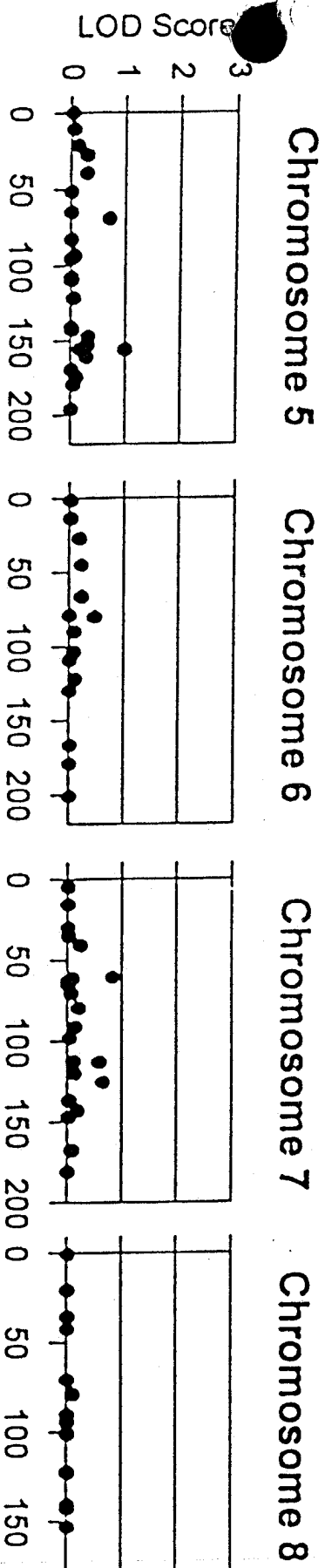
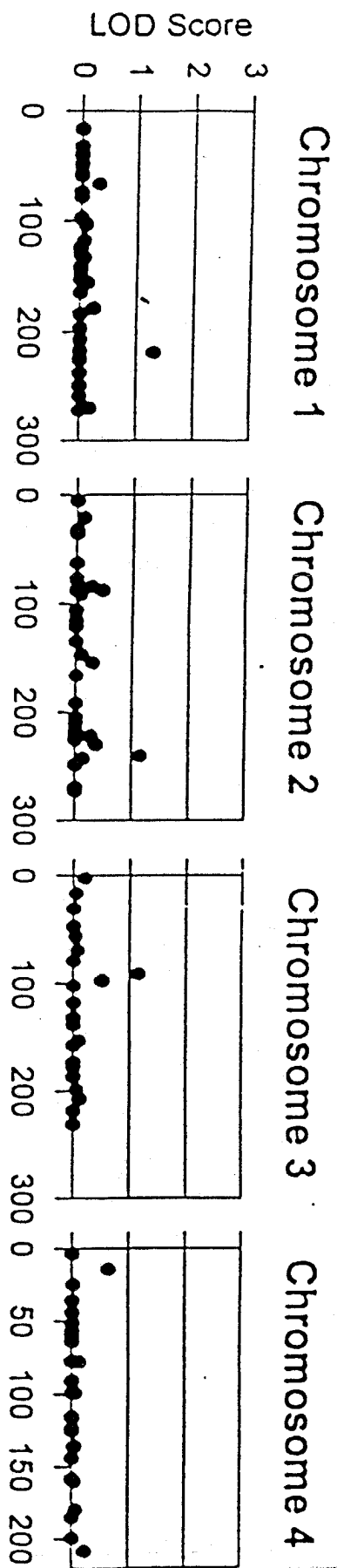


Figure 4A

Chromosome 13 Chromosome 14 Chromosome 15 Chromosome 16

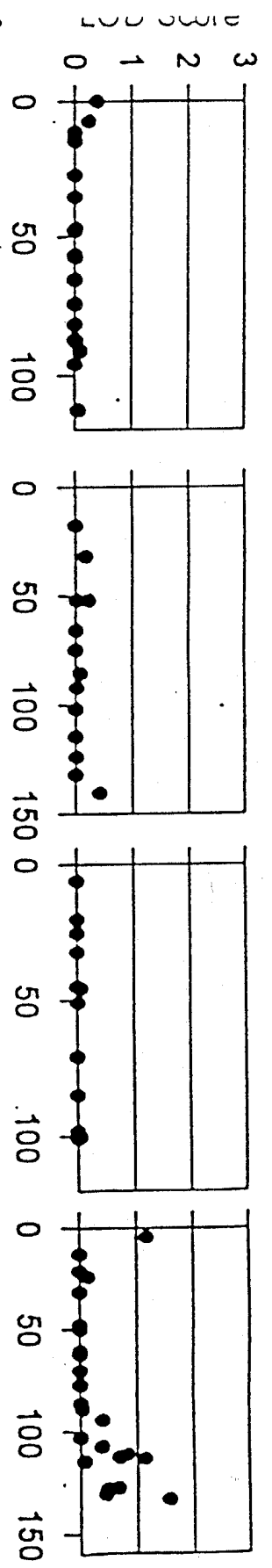
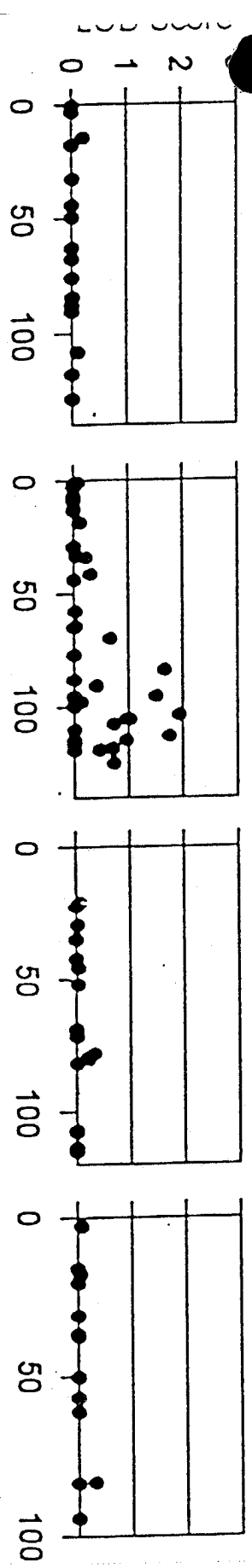


FIGURE 4b

Chromosome 17 Chromosome 18 Chromosome 19 Chromosome 20



Chromosome 21 Chromosome 22 Chromosome X

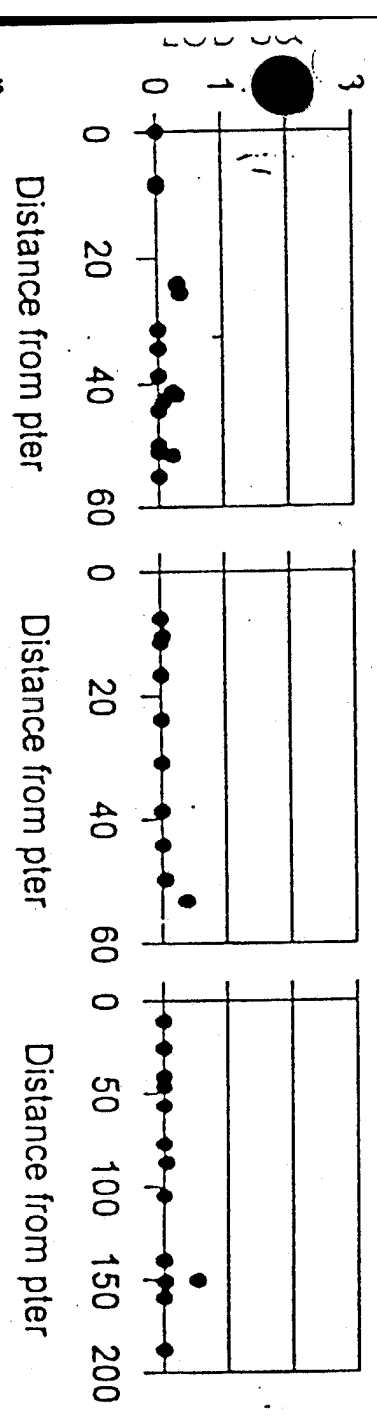
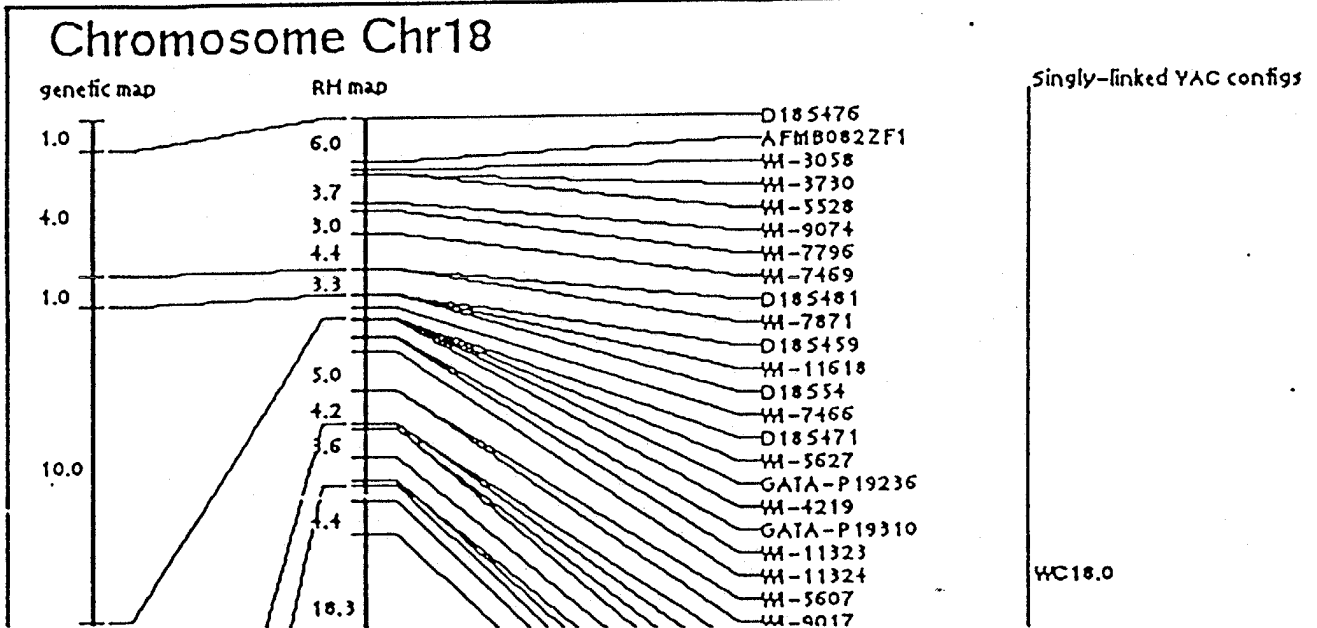


Figure 4b

08976560-112497

Chr18: Contigs Anchored on Integrated Map

Be patient... This is a large image!



You can click on the name of an STS or a contig in order to retrieve information about it. [Download this map](#) as a PICT file (Macintosh) or a GIF (everybody else)

NOTES

1. This is a composite map in which the genetic linkage map from Généthon, and the radiation hybrid map from the Whitehead Institute/MIT Center are used to anchor YAC/STS contigs. We only show the subset of genetic- and radiation-hybrid mapped STSs for which positive YACs are present. For the genetic map, please refer to the linkage maps published in *Nature Genetics* 7(2):246-339 (1994) for the complete genetic maps.
2. The apparent size of a contig on this map does not always correlate with the number of its members. Some apparent "large" contigs are artificially expanded because of contradictions between the radiation hybrid map position of one or more markers on the genetic map, and adjacencies computed from YAC linkage. Contigs that appear to overlap may represent places where missing YAC data prevents the contigs from merging, or, in some cases, contradictions between the order derived from the radiation hybrid map and the order derived from the STS content map.
3. The large central gap that appears on many of the radiation hybrid maps corresponds to the centromere.
4. Markers derived from expressed sequence tags (ESTs) or other expressed sequences are colored red.

FIGURE 6A

This STS is part of singly-linked contig WC18.0:

STS	Map Position			Contig	
	Chrom	Genetic	RH	Single	Double
1 <u>WI-9527</u>	<u>Chr18</u>	-	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-1465</u>
2 <u>CHLC.GGAT2G04</u>	<u>Chr18</u>	-	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-1465</u>
3 <u>CHLC.GGAT2G04.1217</u>	<u>Chr18</u>	-	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-1465</u>
4 <u>D18S59</u>	<u>Chr18</u>	<u>0 cM</u>	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-1465</u>
5 <u>D18S1140</u>	<u>Chr18</u>	<u>0 cM</u>	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-1465</u>
6 <u>WI-7796</u>	<u>Chr18</u>	-	<u>15 cR</u>	<u>WC18.0</u>	-
7 <u>WI-9074</u>	<u>Chr18</u>	-	<u>12 cR</u>	<u>WC18.0</u>	<u>WC-1465</u>
8 <u>WI-5528</u>	<u>Chr18</u>	-	<u>7 cR</u>	<u>WC18.0</u>	-
9 <u>D18S476</u>	<u>Chr18</u>	<u>1 cM</u>	<u>0 cR</u>	<u>WC18.0</u>	-
10 <u>WI-7226</u>	<u>Chr18</u>	-	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-909</u>
11 <u>AFMB324ZE5</u>	<u>Chr18</u>	-	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-909</u>
12 <u>AFMB082ZF1</u>	<u>Chr18</u>	-	<u>5 cR</u>	<u>WC18.0</u>	<u>WC-909</u>
13 <u>D18S1146</u>	<u>Chr18</u>	<u>1 cM</u>	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-909</u>
14 <u>WI-3058</u>	<u>Chr18</u>	-	<u>5 cR</u>	<u>WC18.0</u>	<u>WC-909</u>
15 <u>D18S1105</u>	<u>Chr18</u>	<u>1 cM</u>	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-909</u>
16 <u>WI-3730</u>	<u>Chr18</u>	-	<u>5 cR</u>	<u>WC18.0</u>	<u>WC-1576</u>
17 <u>AFM077YD1!</u>	<u>Chr18</u>	-	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-1576</u>
18 <u>D18S1098</u>	<u>Chr18</u>	<u>4 cM</u>	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-1576</u>
19 <u>WI-7469</u>	<u>Chr18</u>	-	<u>16 cR</u>	<u>WC18.0</u>	<u>WC-1576</u>
20 <u>WI-7871</u>	<u>Chr18</u>	-	<u>22 cR</u>	<u>WC18.0</u>	<u>WC-1576</u>
21 <u>D18S481</u>	<u>Chr18</u>	<u>5 cM</u>	<u>21 cR</u>	<u>WC18.0</u>	<u>WC-1576</u>
22 <u>WI-4747</u>	<u>Chr18</u>	-	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-1576</u>
23 <u>D18S1154</u>	<u>Chr18</u>	<u>6 cM</u>	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-1576</u>
24 <u>CHLC.ATA14B09</u>	<u>Chr18</u>	-	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-1576</u>
25 <u>WI-7466</u>	<u>Chr18</u>	-	<u>27 cR</u>	<u>WC18.0</u>	<u>WC-1576</u>
26 <u>D18S54</u>	<u>Chr18</u>	<u>6 cM</u>	<u>25 cR</u>	<u>WC18.0</u>	<u>WC-1576</u>
27 <u>D18S63</u>	<u>Chr18</u>	<u>6 cM</u>	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-1576</u>
28 <u>D18S459</u>	<u>Chr18</u>	<u>6 cM</u>	<u>25 cR</u>	<u>WC18.0</u>	<u>WC-1576</u>
29 <u>WI-6014</u>	<u>Chr18</u>	-	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-1576</u>
30 <u>WI-4219</u>	<u>Chr18</u>	-	<u>28 cR</u>	<u>WC18.0</u>	<u>WC-143</u>
31 <u>AFM238YG3</u>	<u>Chr18</u>	-	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-143</u>
32 <u>D18S471</u>	<u>Chr18</u>	<u>17 cM</u>	<u>28 cR</u>	<u>WC18.0</u>	<u>WC-143</u>
33 <u>D18S458</u>	<u>Chr18</u>	<u>17 cM</u>	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-143</u>

0896560.1149

FIGURE 6B

34	<u>D18S452</u>	<u>Chr18</u>	<u>17 cM</u>	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-143</u>
35	<u>D18S62</u>	<u>Chr18</u>	<u>17 cM</u>	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-143</u>
36	<u>WI-5627</u>	<u>Chr18</u>	-	<u>28 cR</u>	<u>WC18.0</u>	<u>WC-143</u>
37	<u>CHLC.GATA82D03</u>	<u>Chr18</u>	-	<u>28 cR</u>	<u>WC18.0</u>	<u>WC-143</u>
38	<u>FB25F12</u>	<u>Chr18</u>	-	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-143</u>
39	<u>CHLC.GATA51H07</u>	<u>Chr18</u>	-	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-143</u>
40	<u>CHLC.GATA88A12</u>	<u>Chr18</u>	-	<u>30 cR</u>	<u>WC18.0</u>	<u>WC-143</u>
41	<u>WI-9619</u>	<u>Chr18</u>	-	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-143</u>
42	<u>AFMB346YA9</u>	<u>Chr18</u>	-	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-143</u>
43	<u>AFM323TC9</u>	<u>Chr18</u>	-	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-862</u>
44	<u>WI-5607</u>	<u>Chr18</u>	-	<u>36 cR</u>	<u>WC18.0</u>	<u>WC-862</u>
45	<u>WI-9017</u>	<u>Chr18</u>	-	<u>36 cR</u>	<u>WC18.0</u>	<u>WC-862</u>
46	<u>AFM077YF7</u>	<u>Chr18</u>	-	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-934</u>
47	<u>WI-8546</u>	<u>Chr18</u>	-	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-934</u>
48	<u>CHLC.GGAA16G02</u>	<u>Chr18</u>	-	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-934</u>
49	<u>D18S464</u>	<u>Chr18</u>	<u>32 cM</u>	<u>46 cR</u>	<u>WC18.0</u>	<u>WC-934</u>
50	<u>NIB1802</u>	<u>Chr18</u>	-	<u>56 cR</u>	<u>WC18.0</u>	<u>WC-934</u>
51	<u>D18S1153</u>	<u>Chr18</u>	<u>34 cM</u>	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-934</u>
52	<u>D18S1150</u>	<u>Chr18</u>	<u>36 cM</u>	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-934</u>
53	<u>WI-4589</u>	<u>Chr18</u>	-	<u>58 cR</u>	<u>WC18.0</u>	<u>WC-934</u>
54	<u>WI-4319</u>	<u>Chr18</u>	-	<u>62 cR</u>	<u>WC18.0</u>	<u>WC-934</u>
55	<u>D18S1158</u>	<u>Chr18</u>	<u>38 cM</u>	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-934</u>
56	<u>D18S1116</u>	<u>Chr18</u>	<u>40 cM</u>	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-377</u>
57	<u>CHLC.GATA11A06.668</u>	<u>Chr18</u>	-	<u>48 cR</u>	<u>WC18.0</u>	<u>WC-377</u>
58	<u>CHLC.GATA11A06</u>	<u>Chr18</u>	-	<u>54 cR</u>	<u>WC18.0</u>	<u>WC-377</u>
59	<u>D18S53</u>	<u>Chr18</u>	<u>41 cM</u>	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-377</u>
60	<u>WI-9134</u>	<u>Chr18</u>	-	<u>52 cR</u>	<u>WC18.0</u>	<u>WC-377</u>
61	<u>IB1114</u>	<u>Chr18</u>	-	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-377</u>
62	<u>D18S482</u>	<u>Chr18</u>	<u>41 cM</u>	<u>56 cR</u>	<u>WC18.0</u>	<u>WC-377</u>
63	<u>WI-2382</u>	<u>Chr18</u>	-	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-377</u>
64	<u>WI-6819</u>	<u>Chr18</u>	-	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-377</u>
65	<u>D18S71</u>	<u>Chr18</u>	<u>43 cM</u>	<u>84 cR</u>	<u>WC18.0</u>	<u>WC-377</u>
66	<u>AFMA058YG5</u>	<u>Chr18</u>	-	<u>80 cR</u>	<u>WC18.0</u>	<u>WC-377</u>
67	<u>WI-5506</u>	<u>Chr18</u>	-	<u>90 cR</u>	<u>WC18.0</u>	<u>WC-377</u>
68	<u>D18S453</u>	<u>Chr18</u>	<u>43 cM</u>	<u>93 cR</u>	<u>WC18.0</u>	<u>WC-738</u>
69	<u>D18S73</u>	<u>Chr18</u>	<u>43 cM</u>	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-377</u>
70	<u>STSG-10174</u>	<u>Chr18</u>	-	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-377</u>

09994680

FIGURE 6C

71	<u>CHLC.GCT5D07</u>	<u>Chr18</u>	-	<u>101 cR</u>	<u>WC18.0</u>	<u>WC-377</u>
72	<u>WI-10768</u>	<u>Chr18</u>	-	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-1182</u>
73	<u>D18S1149</u>	<u>Chr18</u>	<u>49 cM</u>	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-1182</u>
74	<u>WI-1869</u>	<u>Chr18</u>	-	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-1182</u>
75	<u>D18S1104</u>	<u>Chr18</u>	<u>49 cM</u>	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-1182</u>
76	<u>AFMA205YH5</u>	<u>Chr18</u>	-	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-1182</u>
77	<u>AFMB340VE5</u>	<u>Chr18</u>	-	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-1182</u>
78	<u>CHLC.GATA41G05</u>	<u>Chr18</u>	-	<u>185 cR</u>	<u>WC18.0</u>	<u>WC-1182</u>
79	<u>AFMB319WF9</u>	<u>Chr18</u>	-	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-1182</u>
80	<u>D18S44</u>	<u>Chr18</u>	-	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-1182</u>

Details on contig assembly.

00976550 1149

60015v1/PA

18p allele frequencies

MARKERNAME		aff 105	ntrans	control	
D18SAVA5	225	0.04	0.02		
	227	0.29	0.24		
	229	0.22	0.15		
	231	0.04	0.08		
	233	0.14	0.23		
	235	0.25	0.22		
	237	0.02	0.03		
	239	0.00	0.00		
D18SCA211	183	0.02	0.04	0.01	
	189	0.00	0.01	0.01	
	191	0.01	0.00	0.03	
	193	0.24	0.17	0.33	
	195	0.21	0.19	0.18	
	197	0.06	0.11	0.03	
	199	0.06	0.04	0.01	
	201	0.10	0.14	0.10	
	203	0.02	0.04	0.06	
	205	0.16	0.18	0.14	
	207	0.09	0.04	0.06	
	209	0.02	0.02	0.02	
	211	0.01	0.00	0.00	
	215	0.00	0.00	0.00	
	217	0.00	0.00	0.01	
D18SCA212	200	0.40	0.40	0.39	
	202	0.31	0.32	0.29	
	204	0.05	0.05	0.03	
	206	0.04	0.06	0.10	
	214	0.01	0.00	0.00	
	216	0.14	0.12	0.15	

1. The first step is to identify the problem. In this case, the problem is that the system is not working properly.

2. The next step is to gather information about the problem. This includes checking the logs, looking at the error messages, and talking to the users who are reporting the problem.

3. Once you have gathered information, you need to analyze it. This means looking for patterns, identifying the root cause of the problem, and determining what needs to be done to fix it.

4. The next step is to develop a plan of action. This involves deciding what steps need to be taken to resolve the problem, and who is responsible for each step.

5. Once you have a plan, you need to implement it. This means making the necessary changes to the system, testing the changes, and monitoring the system to ensure that the problem has been resolved.

6. Finally, you need to document the problem and the solution. This is important for future reference, and to help other people who might encounter the same problem.

18p allele frequencies

MARKERNAME		aff 105	ntrans	control
	232	0.07	0.04	0.07
	234	0.02	0.00	0.00
	236	0.01	0.00	0.00
	238	0.01	0.00	0.00
	242	0.09	0.09	0.04
	244	0.13	0.13	0.19
	246	0.09	0.09	0.11
	248	0.06	0.11	0.10
	250	0.07	0.07	0.06
	252	0.07	0.10	0.12
	254	0.02	0.03	0.03
	256	0.01	0.01	0.03
	258	0.01	0.01	0.01
	260	0.01	0.09	0.02
	262	0.01	0.00	0.00
D18SCA231	182	0.00	0.00	0
	184	0.20	0.23	0.26
	186	0.70	0.66	0.68
	188	0.00	0.01	0.01
	190	0.02	0.00	0.02
	192	0.00	0.00	0.01
	194	0.02	0.02	0
	196	0.00	0.00	0
	198	0.02	0.01	0
	200	0.01	0.01	0.01
	202	0.02	0.03	0.01
MARKERNAME		aff 105	ntrans	control

MARKERNAME	aff 105	ntrans	control	
D18SAT201	170	0.53	0.55	0.52
	174	0.00	0.01	0.01
	178	0.37	0.36	0.36
	182	0.01	0.00	0.00
	186	0.07	0.06	0.07
	190	0.01	0.00	0.00
	194	0.01	0.01	0.03
D18SCA225	160	0.16	0.20	0.21
	168	0.02	0.04	0.00
	170	0.00	0.00	0.01
	172	0.47	0.38	0.42
	174	0.22	0.24	0.26
	176	0.04	0.04	0.05
	178	0.04	0.04	0.02
	180	0.02	0.01	0.01
	184	0.03	0.00	0.02
				0.09
				0.04
D18SW3442	10	0.42	0.28	0.36
	12	0.01	0.01	0.01
	14	0.07	0.11	0.11
	16	0.12	0.17	0.12
	18	0.18	0.15	0.14
	20	0.05	0.09	0.09
	22	0.08	0.10	0.11
	24	0.05	0.08	0.03
	26	0.00	0.00	0.02
	38	0.00	0.00	0.00
				0.14
				0.06
D18SCA213	112	0.12	0.17	0.07
	120	0.00	0.05	0.01
	122	0.03	0.03	0.04
	124	0.44	0.37	0.46

18p allele frequencies 09/09/2000

MARKERNAME	aff 105	ntrans	control
	126 0.30	0.24	0.35
	128 0.08	0.11	0.06
	130 0.00	0.00	0.00
	132 0.03	0.02	0.01
D18SGAT201	142 0.04	0.06	0.02
	146 0.08	0.08	0.06
	150 0.61	0.62	0.69
	154 0.15	0.15	0.12
	158 0.11	0.07	0.10
	162 0.02	0.02	0.00
D18SGAT203			
	188 0.42	0.37	0.38
	192 0.12	0.14	0.17
	196 0.01	0.04	0.01
	200 0.02	0.04	0.01
	204 0.06	0.02	0.04
	208 0.19	0.21	0.20
	212 0.11	0.11	0.11
	216 0.09	0.07	0.08
D18SCA219	221 0.00		0.01
	223 0.00		0.00
	225 0.00		0.00
	233 0.00		0.00
	235 0.22		0.21
	239 0.02		0.01
	241 0.54		0.63
	243 0.07		0.07
	245 0.13		0.06
MARKERNAME	aff 105	ntrans	control

MARKERNAME		aff 105	ntrans	control
D18S1105	101	0.16	0.11	
	103	0.12	0.08	
	105	0.03	0.02	
	81	0.02	0.01	
	83	0.01	0.02	
	85	0.51	0.54	
	87	0.01	0.06	
	91	0.00	0.00	
	95	0.01	0.04	
D18SCA209	97	0.04	0.04	
	99	0.08	0.06	
	173	0.57	0.53	0.69
	175	0.02	0.03	0.04
	177	0.20	0.18	0.09
	179	0.01	0.03	0.00
	181	0.19	0.24	0.18
	187	0.00	0.00	0.00
D18SCA202	182	0.16	0.14	
	184	0.02	0.00	
	186	0.01	0.01	
	190	0.09	0.02	
	192	0.10	0.16	
	194	0.10	0.09	
	196	0.37	0.35	
	198	0.09	0.10	
	200	0.05	0.08	
D18S1146	202	0.00	0.03	
	208	0.00	0.00	
	270	0.32	0.35	
	272	0.07	0.10	
	274	0.60	0.51	

MARKERNAME	276	aff 105	ntrans	control
		0.02	0.04	
D18S166D05	300	0.17	0.21	0.19
	304	0.16	0.12	0.14
	308	0.18	0.18	0.13
	312	0.35	0.26	0.36 **
	316	0.08	0.18	0.11
	320	0.04	0.04	0.03
	324	0.01	0.01	0.02
D18S476	261	0.00	0.01	0.01
	263	0.01	0.04	0.04
	265	0.05	0.12	0.04
	267	0.20	0.26	0.23
	269	0.08	0.09	0.04
	271	0.56	0.38	0.54 ***
	273	0.04	0.08	0.07
	275	0.04	0.03	0.03

L642T-09534680

Affected haplotypes

18p	PAN	MAN	ca212	1140	59	ca231	ta201	at201	PD ca225	w3442	ca213	ga201	ga203
200	279	280	218	1 268	1 158	1 186	1 242	1 178	1 160	1 14	1 112	1 150	1 188
200			200	1 268	1 158	1 186	1 248	1 170	1 160	1 14	1 124	1 150	1 208
200			200	1 282	1 150	1 202	1 220	1 170	1 160	1 18	1 124	1 154	1 208
204	309	349	200	1 268	1 158	1 184	1 250	1 170	1 184	1 22	1 112	1 158	1 212
204			206	0 276	0 156	0 186	0 252	0 186	0 174	0 18	0 124	1 150	0 212
206	1	2	218	0 268	0 148	0 184	0 248	0 170	0 160	0 14	0 124	1 146	0 188
206			200	1 268	1 154	1 194	1 220	1 170	1 178	1 18	1 128	1 146	1 192
207	277	278	200	1 268	1 158	1 184	1 230	1 178	1 176	1 22	1 112	1 154	1 216
207			204	1 268	0 154	1 186	0 242	1 170	1 172	1 10	1 126	0 146	1 188
209	0	0	200	1 256	0 150	1 184	0 254	1 186	1 172	1 16	1 124	0 158	1 188
209			200	0 272	1 150	1 186	0 250	1 170	1 160	1 10	1 124	1 150	1 212
213	0	0	216	0 282	1 150	1 184	0 238	1 170	1 180	1 14	1 124	1 150	1 196
213			200	1 268	1 158	1 200	1 220	1 178	1 176	1 10	1 126	1 150	1 188
214	460	459	202	1 276	1 154	1 186	1 242	1 170	1 176	1 18	1 124	1 150	1 188
214			216	1 276	1 160	0 186	1 242	1 178	1 174	1 14	1 124	1 154	0 192
215	1	270	218	1 268	1 154	0 186	1 230	1 170	1 160	1 14	1 124	1 150	0 188
215			200	1 278	0 156	1 186	0 230	1 178	1 170	1 16	1 130	1 154	0 216
216	1	259	204	1 268	0 162	1 184	0 252	1 170	1 160	1 14	1 128	1 150	0 192
216			200	1 268	1 162	1 186	1 220	1 186	1	172	0 10	1 150	1 212
218	273	272	200	1 268	1 158	1 186	1 246	1 170	1	174	0 20	1 158	1 188
218			200	1 256	1 154	1 186	1 230	1 178	1 172	1 10	1 124	1 154	1 188
219	0	0	202	1 268	1 160	1 184	1 250	1 170	1 174	1 16	1 126	1 146	1 188
219			200	0 268	1 152	1 186	1 230	1 178	1 176	1 10	1 126	1 154	1 208
220	267	2	216	0 268	1 154	1 186	1 232	1 178	1 172	1 10	1 126	1 142	1 212
220			200	1 268	1 160	1	184	1 178	0 174	0 18	0 124	1 154	1 216
221	0	0	202	1 268	1 154	1	186	1 170	0 172	0 10	0 126	1 158	1 188
221			202	1 280	0	148	0 256	0 186	0 174	0 18	1 124	1 158	0 212
223	0	0	202	1 268	0	154	0 252	0 178	0 172	0 18	1 124	1 146	0 208
223			202	1 268	1 164	1 186	1 230	1 178	0 172	0 26	0 124	1 158	1 216
225	264	2	200	1 268	1 158	1 186	1 246	1 170	0 168	0 10	0 124	1 158	1 188
225			200	1 268	0 154	0 186	0	230	0	172	0	1 150	0 188
226	1	2	202	1 256	0 148	0 184	0	254	0	174	0	1 142	0 188
226			202	1 268	1 150	1 202	1 220	1 170	1 174	0 18	1 128	1 150	1 192
228	1	260	200	1 268	1 158	1 186	1 242	1 178	1 172	0 18	1 124	1 158	1 208
228			200	1 268	1 158	1 186	1 242	1 178	1 172	0 18	1 124	1 158	1 208

Affected haplotypes

18p	PAN	MAN	ca212	1140	59	ca231	ta201	at201	PDca225	w3442	ca213	ga201	ga203
229	257	2	200	1 268	0 154	1 186	1 244	1 170	1 174	1 10	1 126	1 150	1 192
229			216	1 256	0 158	1 186	1 244	1 186	1 174	1 24	1 124	1 146	1 216
230	0	0	202	1 268	1 160	1 186	1 230	1 170	1 172	0 18	1 122	1 150	1 208
230			202	1 268	1 158	1 186	1 248	1 170	1 160	0 12	1 124	1 150	1 216
231	299	298	216	1 268	1 158	1 186	1 220	1 170	1 172	1 20	1 124	1 150	1 204
231			218	1 268	1 158	1 186	1 244	1 170	1 174	1 22	1 126	1 150	1 204
232	1	310	206	1 268	1 150	1 186	1 222	1 170	1 172	1 20	1 124	1 154	0 188
232			200	1 268	1 158	1 186	1 230	1 170	1 178	1 10	1 126	1 150	0 188
234	1	261	200	1 268	1 148	1 184	1 252	1 170	1 174	1 10	1 126	1 162	1 208
234			200	1 268	1 158	1 186	1 262	1 170	1 174	1 24	1 126	1 150	1 192
235	0	0	200	1 276	0 150	1 186	0 248	1 170	1 172	1 10	1 112	1 154	0 192
235			202	1 268	0 156	1 184	0 214	1 170	1 174	1 22	1 124	1 150	0 192
237	0	0	200	1 268	1 158	1 186	1 214	1 178	1 172	1 16	1 126	0 150	1 208
237			200	1 268	1 154	1 186	1 230	1 186	1 172	1 16	1 124	0 154	1 208
238	456	457	202	1 268	1 154	1 186	1 230	1 178	1 172	1 10	1 128	1 150	1 208
238			200	1 268	1 158	1 186	1 230	1 170	1 178	1 14	1 112	1 150	1 188
239	312	2	218	1 268	1 160	1 186	0 248	1 170	1 172	1 16	1 124	1 154	0 208
239			200	1 268	1 158	1 184	0 242	1 178	1 172	1 18	1 124	1 150	0 188
240	1	2	200	1 268	1 158	0 186	1 242	0 178	1 172	1 18	1 124	0 146	0 188
240			200	1 268	1 148	0 186	1 230	0 178	1 172	1 20	1 126	0 150	1 188
241	1	342	216	1 268	1 158	1	184 0 246	1 170	1 172	1 10	1 124	0 142	1 188
241			200	1 268	1 158	1	186 0 250	1 170	1 172	1 10	1 124	0 142	1 188
242	0	0	216	1 268	1 156	0 186	1	244 1 186	1 174	1 14	0 126	1 150	1 192
242			200	1 268	1 154	0 186	1	244 1 170	1 160	1 10	0 126	1 150	1 188
243	347	274	200	1 268	1 154	1 186	1 230	1 178	0 172	0 10	1 124	1 150	1 188
243			218	1 268	1 150	1 186	1 252	1 170	0 160	0 38	1 124	1 146	1 208
245	0	0	200	1 268	1 154	1 186	1 232	1 178	0 172	1 10	1 126	1 154	1 216
245			202	1 268	1 150	1 186	1 242	1 170	0 172	1 16	1 124	1 150	1 192
246	1	262	204	0 270	1 158	1 186	1 246	1 178	0 172	1 16	1 126	1 150	1 188
246			202	0 268	1 154	1 186	1 242	1 170	0 172	1 22	1 122	1 150	1 216
247	303	302	202	1 268	1 154	1 186	1 230	1 178	1 174	1 10	1 124	1 158	1 188
247			200	1 268	1 154	1 186	1 242	1 170	1 176	1 10	1 126	1 150	1 216
248	334	333	200	1 268	1 154	1 184	1 232	1 170	1 160	1 20	1 112	1 150	1
248			202	1 268	1 154	1 186	1 244	1 170	1 174	1 16	1 112	1 146	1

18p	PAN	MAN	ca212	1140	59	ca231	ta201	at201	PDca225	w3442	ca213	ga201	ga203
249	1	2	200	0 268	0 154	0 186	1	230	0 194	0	172	0	1 188
249			216	0 256	0 148	0 186	1	246	0 178	0	174	0	1 188
251	301	300	216	1 272	1 150	1 184	1 250	1 170	1 160	1 10	1 124	1 150	1 212
251			216	1 268	1 158	1 186	1 244	1 186	1 174	1 20	1 124	1 150	1 188
252	1	285	200	0 268	1 154	1 186	1 230	1 178	1 172	1 10	1 124	0 150	1 188
252			204	0 268	1 158	1 186	1 246	1 170	1 160	1 18	1 124	0 150	1 216
253	1	258	216	0 268	1 160	1 186	1 228	1 170	1 160	1 16	1 126	1 150	1 216
253			200	0 268	1 154	1 186	1 230	1 178	1 160	1 16	1 122	1 150	1 208
254	467	2	202	1 268	1 160	1 186	1 230	1	170	0 172	1 124	1 142	1 188
254			200	1 268	1 154	1 186	1 230	1	178	0 172	1 124	1 142	1 188
265	1	266	216	1 272	1 150	1 184	1 250	1 170	1 160	1 10	1 126	0 150	1 212
265			202	1 268	1 154	1 186	1 230	1 178	1 172	1 10	1 124	0 150	1 188
311	1	485	216	1 268	1 154	1 186	1 244	1 170	1 160	1 10	1 126	1 150	1 188
311			200	1 268	1 162	1 186	1 242	1 186	1 174	1 10	1 124	1 158	1 208
314	348	313	200	1 268	1 148	1 184	1 248	1 170	1 168	1 18	0 124	1 150	1 208
314			216	1 268	1 162	1 184	1 250	1 170	1 172	1 10	0 126	1 150	1 188
316	1	317	214	1 268	1 154	1 186	1 230	1 178	1 172	1 10	1 124	1 150	1 208
316			200	1 268	1 154	1 186	1 242	1 170	1 172	1 10	1 126	1 150	1 188
319	318	2	202	0 272	0 158	0	184	0 244	0 184	0 10	1 112	0 150	1 188
319			200	0 256	0 154	0	186	0 244	0 174	0 10	1 112	0 150	1 188
321	1	320	202	0 268	1 158	0	0	0	1 178	0	18	0	0
321			200	0 268	1 154	0	0	0	1 172	0	10	0	0
324	0	0	202	1 268	1 158	1 186	1 232	1 178	1 172	0 24	1 112	1 150	1 212
324			216	1 268	1 150	1 196	1 220	1 170	1 160	0 18	1 128	1 154	1 208
326	325	336	206	1 280	1 152	1 198	1 232	1 170	1 172	1 16	1 124	1 150	1 188
326			202	1 268	1 154	1 186	1 232	1 178	1 172	1 16	1 132	1 150	1 192
329	1	330	200	1 268	1 154	0 186	1 248	1 170	1 160	1 14	1 128	1 150	1 188
329			206	1 268	1 148	0 186	1 234	1 170	1 172	1 22	1 124	1 150	1 208
211	1	2	200	0 268	1 154	0	186	0 230	1 172	1	10	0 150	1 188
211			204	0 268	1 148	0	198	0 252	1 172	1	18	0 154	1 188
353	1	352	218	1 280	0 148	1 186	1 246	1 170	1 160	1 18	1 132	1 154	1 192
353			200	1 268	0 148	1 186	1 246	1 170	1 172	1 18	1 112	1 146	1 192
356	362	2	216	1 268	1 154	1	186	0 248	0 172	1	10	1 150	1 208
356			204	1 268	1 164	1	190	0 232	0 172	1	18	1 150	1 216

2010-2011 Affected haplotypes

18p	PAN	MAN	ca212	1140	59	ca231	ta201	at201	PDca225	w3442	ca213	ga201	ga203
357	1	358	202 0 268	1	154 0 186	1 232	1 178	1 160	1 10	1 128	0 150	1 196	1
357			214 0 278	1	158 0 186	1 248	1 178	1 184	1 10	1 124	0 150	1 208	1
359	378	365	202	1 154	1 186	1 230	1 178	1 172	1 10	1 126	1 154	1 188	1
359			202	1 158	1 184	1 244	1 178	1 184	1 10	1 112	1 150	1 188	1
367	1	366	202	1 154	1 186	1 232	1 178	1 172	1 10	1 126	1 158	0 208	1
367			202	1 154	1 186	1 242	1 178	1 172	1 10	1 112	1 142	0 208	1
372	1	370	200	1 154	1 186	0	0	0 172	1 10	1 124	0 150	1	0
372			216	1 148	1 184	0	0	0 174	1 10	1 126	0 150	1	0
384	389	2	202	1 156	1 186	1 246	1 170	1 174	1 10	1 126	1 150	1 188	1
384			202	1 154	1 186	1 250	1 170	1 174	1 10	1 126	1 158	1 188	1
409	408	410	216	1 148	1 200	1 220	1 170	1 184	1 24	1 132	1 154	1 208	1
409			202	1 154	1 186	1 230	1 178	1 172	1 10	1 124	1 150	1 216	1
435	1	433	200	1 148	1 184	1 252	1 178	1 178	0 22	1 126	1 150	1 204	1
435			202	1 156	1 194	1 220	1 170	1 172	0 22	1 126	1 150	1 204	1
443	1	444	206	1 148	1 186	1 246	1 178	1 176	0 14	1 128	1 154	0 192	1
443			202	1 154	1 186	1 230	1 178	1 172	0 10	1 124	1 150	0 188	1
458	1	551	200	1 162	1 186	1 230	1 178	1 172	1 22	1 126	1 150	1 208	0
458			200	1 154	1 186	1 234	1 178	1 172	1 12	1 128	1 154	1 188	0
488	1	508	216	1 160	1 184	1 232	1 170	1 172	1 18	1 122	1 150	1 208	1
488			216	1 160	1 184	1 232	1 170	1 172	1 18	1 122	1 150	1 208	1
501	528	527	200	1 154	1 186	1 230	1 178	1 176	1 10	1 126	1 150	1 216	1
501			206	1 154	1 186	1 244	1 170	1 172	1 16	1 126	1 154	1 208	1
505	1	502	202	1 158	1 186	1 244	1 170	1 172	1 22	1 126	1 150	1 188	1
505			200	1 158	1 186	1 244	1 170	1 172	1 16	1 126	1 150	1 188	1
516	1	517	202	1 158	0	0	0	0	0 10	1 128	0	0 208	0
516			200	1 148	0	0	0	0	0 10	1 124	0	0 200	0
537	532	534	202	1 154	1 186	1 230	1 178	0 172	1 10	1 124	1 150	1 188	1
537			216	1 154	1 184	1 230	1 170	0 172	1 10	1 126	1 146	1 216	1
531	1	529	202	1 150	1 184	1 254	1 170	1 160	1 18	0 124	1 158	1 188	1
531			200	1 154	1 186	1 244	1 170	1 174	1 10	0 124	1 150	1 192	1
574	0	0	206	1 274	1 194	1 236	1 170	1 174	0 18	1 124	1 150	1 192	0
574			200	1 268	1 184	1 252	1 186	1 172	0 18	1 124	1 146	1 188	0
578	576	579	202	1 280	1 186	1 214	1 170	1 174	1 18	1 124	1 150	1 192	1
578			202	1 268	1 186	1 230	1 178	1 172	1 10	1 124	1 162	1 188	1

18p	PAN	MAN	ca212	1140	59	ca231	ta201	at201	PDca225	w3442	ca213	ga201	ga203
587	580	582	202	1 256	1 158	1 186	1 248	1 170	1 174	1 16	1 124	1 150	1 208
587			202	1 268	1 154	1 186	1 244	1 170	1 172	1 10	1 132	1 150	1 208
361	1	360	204	0 270	1 158	1 186	1 244	1 170	1 172	1 10	1 126	1 150	1 208
361			202	0 276	1 148	1 186	1 236	1 170	1 172	1 20	1 128	1 150	1 212
368	0	0	204	1 268	1 164	1 186	1 242	0 178	0 172	1 10	1 124	0 150	1 192
368			202	1 256	1 154	1 186	1 230	0 170	0 160	1 10	1 126	0 154	1 212
374	1	2	200	1 268	1 154	1 186	1 230	1 178	1 174	0 10	1 126	0 150	0 188
374			200	1 268	1 154	1 186	1 230	1 178	1 160	0 10	1 124	0 142	0 212
399	0	0	202	1 268	1 148	1 184	1	0 170	1 174	0 16	1 124	1 142	1 188
399			204	1 272	1 158	1 186	1	0 178	1 172	0 18	1 126	1 150	1 200
411	1	2	216	0 270	0 164	0	184 0 252	0	170 0 174	0 18	0 124	1 150	0 188
411			202	0 268	0 154	0	186 0 230	0	178 0 160	0 10	0 124	1 142	0 188
413	414	412	200	1 268	1 158	1 186	1 230	1 178	1 178	1 18	1 112	1 150	1 188
413			202	1 280	1 148	1 186	1 244	1 170	1 176	1 24	1 126	1 154	1 188
236	697	698	216	1 268	1 158	1 186	1 220	1 170	1 172	1 20	1 124	1 150	1 204
236			216	1 268	1 158	1 186	1 220	1 170	1 172	1 20	1 124	1 150	1 204
421	0	0	200	1 268	1 148	1	184 0 252	1 170	1 174	1 10	1 126	1 150	1 188
421			202	1 268	1 152	1	186 0 242	1 190	1 172	1 10	1 126	1 150	1 188
424	1	2	200	1 268	1 158	0 194	0	220 0	170 0 178	0 24	0 128	0 150	0 208
424			200	1 268	1 154	0 186	0	232 0	178 0 160	0 18	0 112	0 146	0 192
452	1	2	202	0	256 0	184	1 252	0 170	1 174	0 16	0 124	1 158	0 188
452			200	0	268 0	184	1 250	0 170	1 160	0 10	0 124	1 150	0 188
473	1	472	202	1 268	1 162	1 186	1 246	1 170	1 180	1 22	0 126	1 150	1 212
473			218	1 268	1 148	1 186	1 244	1 170	1 160	1 10	0 124	1 146	1 188
484	482	2	200	1 276	1 148	1	182 0 246	1 170	1 174	1 14	1 124	1 150	1 188
484			206	1 256	1 154	1	186 0 244	1 170	1 174	1 10	1 126	1 150	1 212
487	1	486	200	1 268	1 158	1 190	0 248	1 170	1 174	1 12	0 126	1 158	1 192
487			202	1 278	1 148	1 186	0 246	1 182	1 180	1 10	0 112	1 150	1 208
331	1	476	202	0 268	1 154	1 186	1 234	1 178	0 172	1 24	1 126	0 158	0 212
331			200	0 268	1 154	1 186	1 230	1 170	0 172	1 10	1 112	0 150	0 188
489	0	0	202	1 268	1 158	1 186	1 244	1 170	1 172	1 10	1 124	1 150	1 204
489			200	1 268	1 148	1 202	1 220	1 178	1 172	1 10	1 132	1 162	1 208
498	1	635	200	1 268	1 160	1 186	1 246	1 170	1 172	1 14	1 122	1 150	1 208
498			200	1 268	1 164	1 186	1 246	1 170	1 172	1 18	1 112	1 150	1 188

60015v1/PA Affected haplotypes

18p	PAN	MAN	ca212	1140	59	ca231	ta201	at201	PDca225	w3442	ca213	ga201	ga203
566	0	0	216	1 268	1 148	1 202	1	220	0 178	1 174	1 124	1 150	1 212
566			202	1 268	1 154	1 186	1	230	0 178	1 172	1 128	1 150	1 208
514	1	2	202	0 268	1 154	1 186	0 230	1 178	1 172	0 10	1 124	1 154	0 192
514			200	0 268	1 154	1 184	0 230	1 178	1 168	0 10	1 124	1 146	0 192
536	1	633	202	1 270	0 148	1 184	1 254	1 170	1	168	1 132	0 162	1 212
536			200	1 268	0 154	1 186	1 252	1 178	1	172	1 124	0 154	1 188
605	1	2	216	0 268	1 158	0 198	0 244	0	170	0 172	0 124	1 158	0 200
605			200	0 268	1 150	0 186	0 220	0	178	0 172	0 124	1 150	0 188
540	539	562	200	1 268	1 154	1 186	1 230	1 178	1 172	1 10	1 124	1 150	1 216
540			216	1 268	1 148	1 186	1 230	1 194	1 172	1 22	1 112	1 154	1 212
684	1	730	202	0 268	1 158	1 186	1 232	1 178	1 160	1 24	1 112	1 150	1 212
684			200	0 268	1 154	1 186	1 244	1 170	1 160	1 10	1 126	1 150	1 188
608	1	2	206	0 268	1 156	0 192	0 244	0 170	1 178	0 22	0 126	1 150	1 204
608			202	0 268	1 154	0 186	0 220	0 170	1 174	0 10	0 126	1 150	1 188
637	1	638	216	1 268	1 162	0 186	1 250	1 182	1 172	1 10	1 124	1 142	0 208
637			200	1 268	1 154	0 186	1 230	1 178	1 172	1 10	1 124	1 150	0 212
649	647	646	200	1 268	1 154	1 186	1 230	1 178	1 172	1 10	1 124	1 150	1 188
649			200	1 270	1 162	1 184	1 250	1 170	1 180	1 10	1 112	1 154	1 188
653	1	652	200	1 280	0	160	1 230	1 178	1 184	1 20	1 128	1 154	1
653			200	1 268	0	148	1 230	1 178	1 168	1 22	1 112	1 150	1
491	1	2	204	0 268	1 158	0 194	0 256	0 178	0 180	0 22	0 124	1 158	0 204
491			202	0 268	1 148	0 184	0 230	0 170	0 174	0 10	0 124	1 154	0 188
493	1	2	202	0 282	0	158	1 242	1 170	1 174	0 16	0 124	1 158	0 212
493			200	0 268	0	156	1 242	1 170	1 172	0 14	0 124	1 150	0 204
506	1	2		0	0	0	0	0	0	0	0	0 150	1
506				0	0	0	0	0	0	0	0	0 150	1
661	660	662	200	1 278	1 156	1 198	1 220	1 170	1 174	1 20	1 126	1 154	1 204
661			200	1 268	1 148	1 184	1 250	1 186	1 174	1 18	1 120	1 150	1 188
667	666	668	202	1 268	1 154	1 186	1 214	1 170	1 160	1 22	1 124	1 146	1 212
667			202	1 268	1 162	1 186	1 246	1 178	1 172	1 18	1 112	1 158	1 188
669	670	671	202	1 268	1 162	1 186	1 258	1 186	1 174	1 18	1 126	1 150	1 188
669			200	1 268	1 154	1 186	1 244	1 170	1 160	1 10	1 126	1 150	1 188
676	1	678	202	0 268	1 158	1 190	1 244	1 178	1 172	1 16	1 126	1 158	1 188
676			200	0 280	1 148	1 184	1 252	1 178	1 172	1 22	1 126	1 150	1 216

46423T "9999680 Affected haplotypes

18p	PAN	MAN	ca212	1140	59	ca231	ta201	at201	PD ca225	w3442	ca213	ga201	ga203
681	1	2	202	0	256	0 162	1 260	0 186	0 174	0 18	0 126	0 150	1 192
681			200	0	268	0 154	1 230	0 178	0 172	0 10	0 124	0 150	1 188
351	354	2	202	1 268	1 154	1 186	1 230	1 178	1 172	1 16	1 126	1 150	1 188
351			216	1 268	1 156	1 186	1 244	1 186	1 174	1 24	1 124	1 150	1 208
355	1	2	216	0 272	0 158	0 190	0 248	0	170	0 172	0 126	0 158	0 188
355			204	0 268	0 152	0 186	0 244	0	178	0 172	0 124	0 150	0 188

Affected haplotypes

ca219	1105	ca209	ca202	1146	166405	476
241	185	1173	1192	1272	1312	1271
233	199	1181	1196	1270	1304	1271
241	185	1173	1182	1274	0312	1273
245	1103	1177	1194	1270	0308	1267
241	185	1173	1198	0274	1308	0275
241	185	1173	1194	0274	1304	0271
241	187	1173	1182	1272	1300	1271
235	1101	1181	1196	1274	1312	1271
235	185	1173	1182	1274	1312	1271
243	185	1173	1192	1274	1316	1267
245	1103	1177	1194	0274	0312	1271
235	191	1181	1182	0270	0316	1271
241	185	1173	1182	1274	1312	1271
241	1103	1177	1196	1274	1312	1271
241	185	1173	1196	0270	1300	1271
235	185	1181	1190	0274	1312	1267
235	181	1173	1182	1274	1324	1271
223	183	1173	1192	1274	1300	1267
245	1103	1177	1196	1274	1312	1271
241	185	1173	1182	1270	1312	1265
241	1105	0173	1196	1270	1304	1267
241	1101	0173	1196	1270	1308	1271
241	187	0173	1192	1274	1312	1271
241	185	0173	1196	1274	1304	1267
245	197	1177	1194	1274	1312	0271
235	199	1181	1198	1274	1300	0271
241	095	0181	0198	0274	1320	0273
235	085	0173	0196	0274	1308	0271
235	1101	0181	0196	1272	1312	1271
235	185	0173	0200	1274	1308	1271
241	0	85	1200	0274	0312	0271
243	0	101	1196	0270	0304	0267
241	185	1173	1182	1274	1316	1271
241	199	1173	1200	1274	1300	1269

[illegible]

ca219	1105	ca209	ca202	1146	166d05	476
241	1	85 0 173	1 192	0 272	0 312	0 273
241	1	103 0 173	1 182	0 270	0 304	0 267
245	1 103	1 181	0 194	1 270	1 312	1 271
235	1 101	1 177	0 202	1 274	1 312	1 271
241	0 103	1 181	0 196	1 276	0 304	1 271
235	0 101	1 173	0 208	1 274	0 300	1 267
241	1 85	1 173	1 198	1 274	1 304	1 271
241	1 85	1 173	1 190	1 274	1 312	1 271
245	1 97	1 177	1 196	1 274	1 304	1 275
235	1 99	1 181	1 196	1 274	1 304	1 271
245	1 103	1 177	1 194	1 270	1 312	1 271
245	1 85	1 173	1 192	1 274	1 308	1 267
235	1 101	1 181	1 196	0 272	1 300	1 271
241	1 85	1 173	1 184	0 274	1 320	1 269
245	1 85	1 177	1 196	1 274	1 312	1 271
235	1 101	1 181	1 182	1 270	1 312	1 269
241	0 103	0 181	0 190	1 274	1 312	0 271
235	0 101	0 173	0 190	1 274	1 304	0 267
241	1 101	1 181	0 196	0 274	1 312	1 271
235	1 103	1 173	0 192	0 274	1 300	1 271
	0 101	1	0	0 270	1 304	1
	0 85	1	0	0 272	1 300	1
241	1 85	1 173	1 194	0 274	0 312	1 269
241	1 101	1 177	1 182	0 270	0 312	1 267
241	1 85	1 173	1 182	1 276	1 320	1 269
241	1 85	1 173	1 194	1 270	1 300	1 271
241	1 85	1 173	1 200	1 272	0 304	1 271
241	1 85	1 173	1 182	1 270	0 316	1 271
241	0 85	1 181	1 190	0 274	1 316	0 267
235	0 85	1 181	1 182	0 274	1 312	0 263
235	1 81	1 179	1 196	0 274	1 312	1 269
235	1 85	1 179	1 182	0 274	1 312	1 271
235	1	85 0 181	1 194	1 274	1 300	1 275
241	1	101 0 173	1 196	1 270	1 300	1 271

ca219	1105	ca209	ca202	1146	166d05	476
243	0 103	0 177	0 196	0 274	0 308	1 271
241	0 85	0 173	0 190	0 270	0 312	1 265
235	1 99	1 181	1 196	1 274	1 308	1 271
235	1 101	1 181	1 196	1 272	1 308	1 267
241	1 85	1 177	0 192	1 270	1 316	0 269
245	1 85	1 173	0 184	1 274	1 308	0 265
241	1 99	1 177	1	0 274	0 308	1 267
241	1 105	1 173	1	0 270	0 300	1 271
241	0 103	1 181	0 190	1 274	1 312	1 271
235	0 97	1 173	0 198	1 270	1 300	1 267
241	1 99	1 177	0 182	1 274	1 308	1 271
241	1 85	1 173	0 196	1 274	1 300	1 271
245	1 85	1 177	1 182	1 274	1 312	1 273
245	1 85	1 177	1 182	1 274	1 312	1 267
241	1 85	1 175	1 196	1 274	1 320	1 261
241	1 101	1 173	1 196	1 270	1 304	1 267
241	0 85	1 173	1 186	1 270	1 316	1 269
239	0 85	1 173	1 182	1 270	1 312	1 273
235	1 101	1 181	1 184	1 274	1 324	1 269
235	1 101	1 181	1 184	1 274	1 324	1 269
241	1 85	1 173	1 190	1 274	0 316	1 271
245	1 101	1 175	1 196	1 270	0 308	1 271
241	1 85	1 173	1 196	0 270	1 316	1 267
243	1 85	1 173	1 192	0 274	1 308	1 267
241	0 99	0 181	0 196	0 274	1 312	1 271
235	0 85	0 173	0 192	0 274	1 312	1 267
241	1 101	0 173	1 196	1 270	1 304	1 267
241	1 85	0 173	1 194	1 270	1 312	1 267
241	1 99	1 173	1 192	1 274	1 312	1 271
225	1 83	1 173	1 192	1 270	1 308	1 269
241	1 85	1 173	1 182	1 274	0 312	0 271
241	1 85	1 181	1 182	1 270	0 308	0 269
245	1 103	1 177	1 196	0 270	1 304	1 267
241	1 105	1 173	1 192	0 274	1 316	1 271

ca219	1105	ca209	ca202	1146	166d05	476
	0 85	1 173	1 190	1 274	1 312	1 271
	0 101	1 181	1 198	1 272	1 312	1 263
241	1 99	1 177	0 198	1 274	1 312	1 271
241	1 101	1 173	0 196	1 276	1 304	1 265
241	1 85	1 173	1 196	1 270	1 304	1 271
241	1 85	1 173	1 190	1 270	1 312	1 271
241	1	85	1 200	0 270	1 312	0 271
241	1	101	1 186	0 270	1 304	0 271
243	1 85	1 173	1 200	1 274	1 312	1 271
235	1 95	1 181	1 196	1 274	1 312	1 271
241	0 85	1 173	1 200	1 274	1 312	0 271
243	0 85	1 173	1 200	1 274	1 308	0 271
241	1 85	1 173	1 194	1 274	1 300	1 275
241	1 85	1 181	1 196	1 274	1 300	1 271
243	1 103	1 175	1 198	1 274	1 300	1 271
243	1 103	1 175	1 196	1 274	1 308	1 271
235	1 97	1 181	1 196	1 274	1 300	1 271
235	1 99	1 181	1 192	1 270	1 312	1 267
241	0 101	0 181	0 194	0 274	0 308	0 271
235	0 85	0 173	0 182	0 272	0 300	0 267
243	0 103	0 173	1 196	1 274	1 308	0 269
241	0 85	0 173	1 196	1 274	1 304	0 267
241	1 87	1 177	0 196	1 274	0 312	1 271
241	1 85	1 173	0 194	1 270	0 300	1 275
241	1 105	1 173	1 196	1 274	0 312	1 271
241	1 85	1 173	1 192	1 270	0 312	1 267
243	0 85	1 173	1 198	1 270	1 304	1 271
241	0 85	1 173	1 196	1 274	1 312	1 271
241	1 85	1 173	1 196	1 274	1 308	1 271
241	1 85	1 173	1 182	1 274	1 320	1 265
245	0 85	1 177	0 198	1 274	1 304	1 271
241	0 85	1 173	0 194	1 274	1 312	1 267
241	1 103	1 177	1 196	1 270	1 316	1 267
235	1 99	1 181	1 192	1 270	1 312	1 271

ca219	1105	ca209	ca202	1146	166d05	476
245	1 105	0 177	1 196	1 274	1 300	1 267
245	1 185	0 177	1 198	1 274	1 320	1 271
241	1 197	0 177	0 196	1 274	0 304	0 271
241	1 185	0 173	0 196	1 272	0 300	0 271
241	1 199	0 177	0 196	1 274	1 312	1 271
241	1 185	0 173	0 182	1 274	1 312	1 271
243	0 85	1 173	1 200	0 274	1 308	1 271
235	0 85	1 173	1 194	0 274	1 308	1 271
241	1 185	1 173	1 190	1 274	0 312	1 267
235	1 185	1 173	1 196	1 272	0 316	1 267
241	0 85	1 181	0 196	1 274	0 312	1 269
235	0 101	1 173	0 196	1 272	0 300	1 271
245	0 101	0 173	0 182	0 274	1 312	1 273
241	0 85	0 177	0 190	0 274	1 312	1 267
239	1 185	1 173	1 190	1 270	1 300	1 271
241	1 185	1 173	1 198	1 274	1 304	1 271
241	0 85	1 173	1 198	1 270	1 304	1 271
243	0 85	1 173	1 182	1 274	1 312	1 269
245	1 185	1 179	1 196	1 270	1 308	1 271
241	1 185	1 173	1 196	1 270	1 304	1 265
241	0 103	0 173	1 198	0 274	1 308	1 269
235	0 81	0 173	1 196	0 274	1 308	1 265
241	1 103	0 177	0 196	0 270	1 308	0 271
241	1 185	0 173	0 190	0 270	1 300	0 269
245	0	0	0	0	0	0
241	0	0	0	0	0	0
235	1 181	1 173	1 196	1 276	1 300	1 271
241	1 185	1 173	1 196	1 274	1 308	1 265
245	1 103	1 177	1 196	1 270	1 308	1 271
235	1 197	1 181	1 192	1 274	1 312	1 271
241	1 101	0 173	1 192	1 274	1 316	1 271
235	1 185	0 181	1 190	1 270	1 312	1 271
235	1 197	1 181	1 198	1 274	1 312	0 271
243	1 103	1 173	1 182	1 274	1 308	0 273

Affected haplotypes

ca219	1105	ca209	ca202	1146	166d05	476
241	1 103	0 177	0 190	270 0	304 0	271 1
241	1 85	0 173	0 196	274 0	312 0	271 1
241	1 101	1 173	1 192	1 274	1 312	1 271 0
245	1 105	1 177	1 194	1 274	1 320	1 267 0
241	1 103	0 177	0 196	1 274	0 316	0 267 1
241	1 85	0 173	0 196	1 270	0 304	0 267 1

Figure 9

60015v1/PA nontransmitted chromosomes

ERSN	KID	sava5	ca211	ca212	1140	59	ca231	ta201	at201	ca225	w3442	ca213	ga201	ga203
279	200	235	1 193	1 216	1 268	1 148	1 186	1 246	1 194	1 172	1 16	1 124	1 150	1 188
280	200	233	1 205	1 202	1 278	1 148	1 184	1 252	1 170	1 172	1 20	1 124	1 150	1 192
349	204	235	1 197	1 202	1 268	1 156	1 184	1 252	1 170	1 172	1 20	1 120	1 150	1 216
309	204	235	1 195	1 202	1 268	1 148	1 186	1 244	1 170	1 172	1 16	1 124	1 142	1 192
277	207	227	1 205	1 200	1 268	1 148	1 184	1 252	1 186	1 174	1 18	1 124	1 146	1 212
278	207	227	1 195	1 200	1 268	1 158	1 186	1 230	1 178	1 168	1 20	1 124	1 150	1 200
459	214	233	1 197	1 200	1 268	1 152	1 184	1 248	1 186	1 174	1 10	1 124	1 142	1 208
460	214	233	1 203	1 216	1 280	1 158	1 184	1 248	1 170	1 184	1 16	1 124	1 146	1 216
270	215	235	1 193	1 200	1 268	1 154	0 188	1 246	1 170	1 160	1 24	1 124	1 150	0 188
259	216	231	1 193	1 200	1 268	0 150	1 184	0 254	1 186	1 172	1 10	1 124	1 150	0 188
272	218	233	1 195	1 204	1 268	1 150	1 186	1 248	1 178	1 172	0 22	1 126	1 146	1 188
273	218	235	1 193	1 200	1 256	1 154	1 186	1 230	1 178	1 172	0 10	1 124	1 142	1 188
267	220	233	1 205	1 200	0 268	1 158	1 186	1 244	1 170	1 160	1 14	1 124	1 158	1 188
264	225	227	1 201	1 200	1 268	1 150	1 186	1 242	1 170	0 168	0 10	0 126	1 150	1 192
260	228	229	1 197	1 200	1 268	1 164	1 186	1 250	1 178	1 172	0 14	1 112	1 154	1 188
257	229	227	1 207	1 200	1 256	0 160	1 186	1 246	1 170	1 172	1 14	1 122	1 150	1 208
298	231	233	1 193	1 200	1 280	1 158	1 186	1 232	1 178	1 172	1 12	1 112	1 154	1 188
299	231	229	1 207	1 200	1 268	1 148	1 202	1 220	1 170	1 160	1 14	1 112	1 158	1 208
310	232	233	1 205	1 202	1 268	1 148	1 204	1 220	1 170	1 160	1 24	1 112	1 150	0 188
261	234	233	1 189	1 206	1 272	1 154	1 186	1 250	1 178	1 174	1 18	1 126	1 158	1 188
697	236	235	1 197	1 200	1 268	1 154	1 186	1 230	1 186	1 174	1 10	1 112	1 150	1 208
698	236	233	1 195	1 202	1 278	1 148	1 184	1 252	1 170	1 172	1 20	1 120	1 150	1 216
456	238	235	1 199	1 216	1 268	1 160	1 184	1 248	1 170	1 172	1 16	1 124	1 150	1 208
457	238	233	1 197	1 200	1 268	1 160	1 186	1 230	1 170	1 172	1 18	1 122	1 150	1 208
312	239	227	1 197	1 202	1 268	1 148	1 184	0 246	1 170	1 178	1 24	1 112	1 150	0 208
342	241	227	1 193	1 202	1 256	1 158	1 184	0 250	1 170	1 174	1 10	1 124	0 146	1 188
347	243	229	1	0 216	1 278	1 150	1 186	1 244	1 170	0 160	0 10	1 112	1 150	1 188
274	243	233	1 193	1 204	1 268	1 160	1 186	1 244	1 170	0 160	0 14	1 124	1 162	1 188
262	246	231	1 193	0 202	0 268	1 148	1 202	1 230	1 170	0 172	1 22	1 124	1 150	1 208
302	247	235	1 195	1 200	1 256	1 150	1 186	1 242	1 170	1 172	1 10	1 126	1 150	1 192
303	247	227	1 195	1 200	1 268	1 158	1 186	1 230	1 178	1 168	1 14	1 128	1 150	1 188
334	248	225	1 183	1 216	1 268	1 152	1 186	1 230	1 178	1 176	1 10	1 126	1 150	1 188
333	248	233	1 205	1 200	1 268	1 152	1 186	1 230	1 178	1 172	1 10	1 124	1 142	1 188
300	251	227	0 193	1 200	1 278	1 148	1 184	1 252	1 170	1 172	1 18	1 120	1 150	1 216

ERSN	KID	sava5	ca211	ca212	1140	59	ca231	ta201	at201	ca225	w3442	ca213	ga201	ga203
301	251	227	0 205	1 200	1 276	1 148	1 184	1 252	1 170	1 172	1 24	1 124	1 150	1 188
285	252	231	1 193	1 200	0 268	1 148	1 184	1 252	1 170	1 174	1 16	1 124	0 150	1 192
258	253	229	1 193	1 200	0 268	1 148	1 186	1 230	1 194	1 172	1 22	1 112	1 154	1 208
467	254	229	1 197	1 216	1 280	1 160	1 184	1 250	1 170	0 172	1 22	1 126	1 154	1 188
266	265	227	0 195	1 202	1 268	1 160	1 186	1 260	1 178	1 174	1 16	1 124	0 158	1 208
485	311	227	1 205	1 200	1 268	1 158	1 184	1 230	1 178	1 184	1 20	1 128	1 154	1 212
313	314	227	1 195	1 202	1 268	1 162	1 186	1	0 170	1 172	1 10	0 124	1 150	1 212
348	314	227	1 195	1 200	1 268	1 148	1 184	1 248	1 170	1 172	1 10	0 128	1 150	1 208
317	316	227	1 201	1 202	1 268	1 152	1 186	1 244	1 170	1 174	1 14	1 112	1 154	1 188
318	319	227	0	0	0 256	0 154	0	0	0	0	0 16	1	0	0
320	321	237	1 201	0 200	0 268	1 154	0 186	0 220	1 170	1 172	0 20	1 124	0 146	0 192
336	326	227	1 193	1 202	1 268	1 154	1 186	1 244	1 170	1 160	1 18	1 124	1 154	1 208
325	326	227	1 201	1 202	1 276	1 148	1 186	1 244	1 170	1 176	1 20	1 126	1 150	1 192
330	329	233	1 197	1 202	1 268	1 148	0 184	1 256	1 178	1 172	1 16	1 124	1 162	1 208
476	331	229	0 199	1 200	0 276	1 154	1	0 244	1 170	0 160	1 10	1 112	0 150	0 188
354	351	233	1 201	0 200	1 268	1 162	1 186	1 248	1 178	1 160	1 22	1 132	1 150	1 188
352	353	225	0 207	1 200	1 268	0 154	1 194	1 220	1 170	0 172	1 10	0 128	1 150	1 208
362	356	231	1 195	1 202	1 268	1 154	1 186	0 230	1 178	1 172	1 10	1 124	0 154	1 216
358	357	235	1 205	1 202	0 256	1 154	0 186	1 230	1 178	1 160	1 22	1 132	1 150	1 188
365	359	233	1 205	1 200	1 268	1 162	1 186	1 248	1 178	1 160	1 18	1 126	1 150	1 188
378	359	231	1 201	1 202	1 268	1 162	1 186	1 230	1 186	1 174	1 18	1 124	1 150	1 212
360	361	227	0 195	1 202	0 268	1 162	1 186	1 250	1 170	1 172	1 18	1 124	1 150	1 212
366	367	227	1 193	1 202	1 268	1 154	1 186	1 230	1 178	1 160	1 10	1 124	1 142	0 188
370	372	227	0 201	1 202	1 268	1 150	1 184	0 244	0 170	1 174	1 14	1 124	0 150	1 188
389	384	231	1 203	1 204	1 272	1 158	1 186	1 244	1 178	1 172	1 18	1 126	1 150	1 200
408	409	229	1 205	1 216	1 276	1 154	1 186	1 244	1 178	1 184	1 28	1 112	1 154	1 196
410	409	229	1 197	1 204	1 272	1 158	1 186	1 244	1 178	1 172	1 18	1 126	1 150	1 188
414	413	227	1 195	1 200	1 268	1 158	1 186	1 242	1 178	0 174	1 18	1 120	1 150	1 188
412	413	235	1 193	1 200	1 256	1 156	1 186	1 246	1 170	1 172	1 10	1 124	1 150	1 212
433	435	227	1 195	1 202	1 268	1 154	1 186	1 242	1 170	1 172	0 16	1 112	1 150	1 204
444	443	235	1 205	1 200	1 268	1 158	1 186	1 232	1 178	1	0 24	1 112	1 150	0 188
551	458	235	1 201	1 206	1 268	1 148	1 184	1 248	1 170	1 174	1 14	1 124	1 158	1 188
472	473	233	1 193	1 200	1 268	1 156	1 186	1 248	1 178	1 184	1 10	0 112	1 146	1 188
482	484	233	0 197	1 200	1 268	1 158	1 182	0 248	1 170	1 174	1 16	1 124	1 150	1 188

ERSN	KID	sava5	ca211	ca212	1140	59	ca231	ta201	at201	ca225	w3442	ca213	ga201	ga203
486	487	227	1 201	1 202	1 256	1 154	1 186	0 230	1 178	1 172	1 10	0 124	1 150	1 188
508	488	233	1 205	1 202	1 268	1 148	1 184	1 220	1 170	1 160	1 24	1 112	1 150	1 188
635	498	227	1 193	1 202	1 268	1 148	1 184	1 254	1 170	1 174	1 16	1 124	1 142	1 188
527	501	229	1 183	1 216	1 280	1 158	1 186	1 230	1 170	1 172	1 22	1 126	1 146	1 212
528	501	225	1 183	1 216	1 268	1 152	1 186	1 242	1 170	1 176	1 10	1 126	1 154	1 208
502	505	235	1 205	1 200	1 268	1 148	1 184	1	0 170	1 174	1 10	1 126	1 150	1 188
517	516		0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
529	531	233	1 205	1 200	0 268	1 158	1 186	1 242	1 170	1 180	1 10	0 128	1 150	1 204
633	536	229	0 201	1 200	1 268	0 154	1 186	1 230	1 178	1 168	0 10	1 124	0 150	1
532	537	227	1 201	1 200	1 268	1 150	1 186	1 242	1 170	0 172	1 10	1 126	1 150	1 192
534	537	235	1 205	1 200	1 268	1 158	1 186	1 232	1 170	0 160	1 24	1 112	1 150	1 208
562	540	229	1 195	1 202	1 268	1 160	1 184	1 250	1	1 160	1 18	1 124	1 150	1 212
539	540	229	1 207	1 200	1 268	1 154	1 194	1 220	1 170	1 178	1 18	1 128	1 150	1 192
576	578	235	1 199	1 200	1 256	1 158	1 186	1 246	1 170	1 174	1 10	1 124	1 158	1 188
579	578	233	1 199	1 200	1 278	1 148	1 186	1 246	1 170	1 184	1 16	1 124	1 150	1 208
582	587	227	1 201	1 202	1 268	1 148	1 202	1 220	1 178	1 184	1 10	1 128	1 150	1 212
580	587	229	1	0 200	1 268	1 154	1 186	1 244	1 170	1 160	1 10	1 126	1 150	1 200
638	637	237	1 203	1 206	1 268	1 154	0 186	1 228	1 170	1 160	1 22	1 126	1 142	0 212
647	649	229	1 195	1 202	1 268	1 154	1 186	1 232	1 178	1 160	1 10	1 124	1 150	1 216
646	649	231	1 201	1 206	1 268	1 154	1 186	1 230	1 178	1 160	1 10	1 124	1 154	1 188
652	653	235	1 201	1 206	1 268	0 154	0 186	1 230	1 178	1 172	1 16	1 126	1 150	1 188
662	661	235	1 209	1 202	1 280	1 154	1 186	1 242	1 178	1 172	1 22	1 126	1 150	1 188
660	661	233	1 183	1 216	1 268	1 158	1 186	1	0 170	1 160	1 14	1 122	1 150	1 192
666	667	235	1 203	1 202	1 268	1 158	1 186	1 246	1 170	1 174	1 10	1 126	1 150	1 192
668	667	237	1 209	1 202	1 268	1 150	1 186	1 252	1 178	1 172	1 16	1 128	1 150	1 196
670	669	235	1 205	1 200	1 268	1 148	1 184	1 254	1 170	1 174	1 10	1 126	1 154	1 192
671	669	227	1 195	1 200	1 268	1 158	1 186	1 230	1 178	1 168	1 16	1 128	1 154	1 188
678	676	223	1 201	1 200	0 278	1 156	1 200	1 252	1 174	1 174	1 10	1 124	1 150	1 208
730	684	229	1 195	1 200	0 268	1 148	1 198	1 220	1 170	1 174	1 20	1 126	1 150	1 196

ca219	1105	ca209	ca202	1146	166d05	476
241	1 103	1 173	1 186	1 274	1 316	1 269
241	1 85	1 173	1 182	1 270	1 316	1 263
243	1 85	1 177	1 192	1 270	0 312	1 265
241	1 85	1 173	1 192	1 270	0 312	1 267
241	1 85	1 173	1 198	1 274	1 308	1 271
245	1 101	1 175	1 196	1 274	1 316	1 267
245	1 101	1 177	1 190	1 274	1 312	1 267
241	1 85	1 173	1 202	1 270	1 312	1 269
235	1 95	1 181	1 190	0 274	1 308	1 267
241	1 85	1 173	1 196	1 274	1 304	1 267
235	1 103	1 181	1 196	1 274	1 312	1 265
235	1 99	1 181	1 196	1 274	1 304	1 271
241	1 85	0 173	1 192	1 270	1 312	1 271
241	1 85	0 173	0 196	1 270	1 304	1 271
235	1 93	1 181	1 196	1 274	1 308	1 269
241	1 103	1 177	1 196	1 270	1 316	1 267
235	1 97	1 181	1 198	1 274	1 300	1 271
245	1 85	1 177	1 192	1 270	1 300	1 271
241	1 85	0 173	0 196	1 274	1 308	1 271
235	1 95	1 181	1 198	0 274	1 300	1 267
241	1 85	1 173	1 196	1 274	1 300	1 267
243	1 85	1 177	1 192	1 270	1 312	1 265
241	0 99	1 177	1 198	1 270	1 312	1 263
241	0 97	1 177	1 196	1 274	1 304	1 275
245	1 85	0 177	1 196	1 272	1 308	1 263
235	0 99	1 173	0 196	1	0 304	0
235	1 101	1 181	1 194	1 274	1 308	1 267
241	1 85	1 177	1 196	1 274	1 304	1 271
245	1 85	1 177	1 198	1 270	1 300	0 267
241	1 85	1 173	1 196	1 270	1 304	1 271
239	1 85	1 181	1 196	1 276	1 300	1 267
241	1 85	1 181	1 194	1 274	1 324	1 267
241	1 99	1 181	1 196	1 274	1 304	1 267
243	1 85	1 177	0 192	1 270	1 312	1 265

ca219	1105	ca209	ca202	1146	166d05	476
235	1 101	1 177	0 200	1 272	1 316	1 267
235	0 85	1 173	0 192	1 274	0 308	1 267
235	1 101	1 181	1 196	1 274	1 308	1 265
245	1 103	1 175	1 198	1 274	1 300	1 271
235	1 101	1 181	1 202	1 274	1 316	1 265
245	1 85	1 179	1 184	0 270	1 308	1 269
241	1 85	1 173	1 192	1 270	1 312	1 269
241	1 85	1 173	1 198	1 270	1 308	1 271
235	0 101	0 173	0 190	1 274	1 304	0 267
245	1 85	1	0	0 274	1 320	1 269
	0 103	1 173	1 182	1 274	1 312	1 271
241	1 85	1 173	1 182	1 270	1 312	1 273
241	1 85	1 177	1 200	1 274	1 308	1 263
235	1 85	1 173	1 196	1 270	0 316	1 265
241	1 85	1 173	1 182	1 270	1 300	1 265
241	1 85	1 173	1 182	1 270	1 308	1 267
241	1 87	1 173	1 182	0 272	1 300	1 271
245	1 85	0 177	1 198	1 274	1 300	1 271
241	0 85	0 173	0 190	0 270	0 312	1 273
241	1 85	1 173	1 182	1 270	1 312	1 267
241	1 85	1 177	1 192	1 270	1 312	1 267
241	1 85	1 173	0 192	1 270	1 308	1 269
243	1 85	1 173	0 200	1 274	1 308	0 265
243	1 85	1 173	1 190	0 270	0 316	1 273
235	0 95	1 173	0 196	1 274	1 312	1 271
243	1 85	1 173	0 198	1 270	1 300	1 271
241	1 85	1 173	0 196	1 274	1 316	1 267
241	1 85	1 173	1 194	1 270	1 316	1 265
241	1 85	1 173	1 200	1 274	1 316	1 271
241	1 85	1 173	1 194	1 270	1 300	1 271
235	1 105	1 181	1 200	1 272	1 316	1 267
239	0 101	1 173	1 196	1 274	1 300	1 271
241	1 85	1 173	0 192	1 270	0 316	1 265
241	1 83	1 173	1 196	1 270	0 304	1 267

ca219	1105	ca209	ca202	1146	166d05	476
241	0 103	1 173	1 192	1 274	1 312	1 267
243	1 85	1 173	1 196	1 274	1 308	1 273
243	1 85	1 173	1 200	1 274	1 312	1 271
241	1 85	1 173	1 182	1 270	0 320	1 267
241	1 87	1 173	1 198	1 270	0 312	1 267
235	1 97	1 181	1 192	0 274	1 300	1 271
	0	0	0	0 272	1	0
235	1 81	1 173	1 182	1 278	1 320	1 261
241	1 85	0 173	0 200	1 270	1 304	1 271
241	1 85	0 173	1 196	1 270	1 304	1 271
235	1 85	0 181	1 194	1 274	1 308	1 267
239	1 85	1 173	1 194	1 272	0 316	1 271
241	1 85	1 173	1 182	1 272	0 300	1 271
241	1 105	1 173	1 192	0 274	1 312	1 267
241	1 87	1 173	1 192	0 272	1 304	1 275
	0 103	1 173	1 194	1 270	1 316	1 271
	0 101	1 173	1 196	1 272	1 308	1 271
241	1 87	1 173	1 182	1 274	1 320	1 269
241	0 85	1 173	1 194	1 270	1 312	1 267
241	0 85	1 173	1 196	1 274	1 300	1 271
235	1 99	1 181	1 192	1 274	1 312	1 267
235	1 101	1 181	1 196	1 272	1 300	1 271
235	1 85	1 179	1 196	1 274	1 312	1 271
241	1 85	1 173	1 192	1 270	1 312	1 271
241	1 87	1 173	1 182	1 270	1 316	1 273
235	1	0 181	1 196	1 274	1 300	1 271
239	1 85	0 181	1 196	1 276	1 300	1 267
241	1 83	1 177	1 182	1 276	1 308	0 269
235	0 93	1 173	0 202	1 272	0 300	1 273
			79			

60015v1/PA
controls

cont	sava5	ca211	ca212	1140	59	ca231	ta201	at201	ca225	w3442	ca213	ga201	ga203
98	miss	193	1200	1	0156	1186	1230	1178	1176	1110	1126	1150	1208
98	17 193		1216	1	0148	1186	1244	1178	1172	1118	1124	1150	1208
99		193	1206	1268	1150	1184	1252	1178	1172	1120	1124	1142	1204
99		195	1200	1268	1154	1184	1220	1170	1170	1110	1128	1150	1188
101		189	1206	1272	1154	1186	1260	1178	1174	1120	1126	1158	1216
101		203	1200	1268	1150	1186	1244	1170	1160	1114	1122	1150	1188
102		195	1202	1268	1150	1202	1220	1178	1172	1124	1124	1150	1212
102		205	1200	1268	1162	1186	1248	1178	1160	1122	1132	1150	1188
104		195	1200	1268	1154	1186	1244	1170	1160	1110	1126	1150	1188
104		203	1216	1268	1156	1186	1244	1186	1174	1114	1126	1150	1192
105		193	1202	1268	1156	1186	1244	1170	1172	1110	1126	1150	1188
105		201	1216	1268	1148	1186	1246	1194	1172	1116	1124	1150	1188
107			0206	1268	1154	1186	1246	1170	1176	1122	0	0154	1188
107			0202	1274	1150	1184	1246	1170	1174	1116	0	0150	1216
108		201	0200	1268	1162	1186	1230	1178	1172	1122	1126	1150	1188
108		195	0202	1280	1154	1186	1242	1178	1172	1122	1126	1150	1192
110		199	1218	1268	1160	1184	1248	1170	1172	1116	0124	1150	1208
110		205	1200	1268	1148	1184	1254	1170	1174	1110	0126	1150	1188
111		193	1202	1268	1154	1186	1232	1178	1160	1	0124	1150	1188
111		191	1202	1268	1150	1184	1252	1170	1160	1	0128	1150	1188
114		207	1202	1268	1150	1200	1220	1170	1174	024	1126	1150	1212
114		195	1200	1278	1154	1186	1252	1178	1172	018	1124	1150	1192
113		191	1202	1276	1150	1184	1250	1170	1174	022	1124	1146	1216
113		207	1216	1268	1150	1186	1244	1170	1172	016	1124	1150	1192
116		193	1202	1268	1154	1186	1230	1178	1172	1110	124	0150	1188
116		195	1202	1268	1154	1186	1248	1170	1172	1110	126	0150	1212
117		201	1200	1268	1154	1186	1232	1178	1172	1110	124	0142	1212
117		195	1202	1268	1160	1186	1256	1178	1174	1116	126	0158	1212
119		193	1200	1270	1162	1186	1244	1170	1172	1118	0124	1150	1216
119		193	1206	1268	1154	1186	1230	1178	1172	1110	0126	1150	1188
120		193	1216	1276	1158	1186	1242	1178	1174	1118	0112	1154	1192
120		203	1204	1272	1158	1186	1244	1178	1172	1110	0126	1150	1200
122		183	1200	1268	1154	1186	1242	1178	1160	1116	1124	1150	1204
122		195	1218	1268	1156	1186	1232	1178	1160	1126	1124	1150	1188

cont	sava5	ca211	ca212	1140	59	ca231	ta201	at201	ca225	w3442	ca213	ga201	ga203
123		193	1 200	1 268	1 150	1 184	1 252	1 170	1 160	1 10	1 126	1 154	0 188
123		195	1 216	1 268	1 154	1 184	1 232	1 170	1 160	1 20	1 112	1 150	0 192
125		203	1 200	1 268	1 148	1 184	1 252	1	0 174	1 18	1 124	1	0 212
125		205	1 202	1 268	1 148	1 188	1 250	1	0 172	1 16	1 124	1	0 192
126		205	1 200	1 268	1 148	1 186	1 248	1 170	1 160	1 14	1 128	0 150	1 188
126		195	1 204	1 268	1 150	1 186	1 246	1 178	1 172	1 22	1 126	0 150	1 208
128		193	1 200	1 256	1 158	1 186	1	0 170	1 174	1 14	1 112	1 158	1 188
128		191	1 200	1 268	1 160	1 184	1	0 170	1 172	1 18	1 122	1 150	1 208
129		193	1 206	1 256	1 154	1 186	1 244	1 170	1 174	1 10	1 112	1 158	1 188
129		195	1 216	1 268	1 150	1 184	1 250	1 170	1 172	1 14	1 126	1 150	1 192
131		201	0 200	1 268	1 154	1 186	0 252	0 186	0 176	0 18	1 126	1 150	1 188
131		197	0 200	1 268	1 150	1 184	0 244	0 170	0 172	0 10	1 126	1 150	1 188
132		205	0 200	1 268	1 148	1 186	0 252	0 186	0 174	0 18	1 124	1 150	1 212
132		203	0 200	1 268	1 158	1 184	0 248	0 170	0 172	0 18	1 124	1 158	1 208
134		193	1 216	1 268	1 148	1 186	1 220	1 170	1 174	1 14	1 124	1 150	1 208
134		205	1 202	1 266	1 160	1 186	1 230	1 194	1 172	1 22	1 112	1 154	1 208
135		193	1 202	1 268	1 154	1 186	1 244	1 170	1 160	1 18	1 124	1 154	1 208
135		205	1 202	1 268	1 154	1 184	1 230	1 178	1 184	1 20	1 128	1 154	1 208
138		193	1 202	1 268	1 154	1 186	1 230	1 178	1 172	0 10	1 124	1	0 216
138		207	1 200	1 280	1 148	1 184	1 252	1 178	1 174	0 20	1 126	1	0 216
137		193	1 206	1 268	1 154	1 186	1 230	1 178	1 172	0 10	1 126	1 150	1 192
137		201	1 216	1 270	1 148	1 184	1 256	1 186	1 174	0 10	1 126	1 150	1 212
144			0 200	1 256	1 154	1 186	1	0	0 174	1 10	1 126	1 150	1 208
144			0 206	1 268	1 154	1 186	1	0	0 176	1 22	1 124	1 150	1 188
68		195	1 202	1 268	1 164	1 186	1	0	0 172	1 22	1 126	1 150	1 208
68		193	1 202	1 268	1 160	1 186	1	0	0 172	1 18	1 122	1 150	1 208
69		195	1 218	1 268	1 148	1 186	1 246	1	0 160	1 10	1 124	1 146	1 208
69		201	1 216	1 268	1 158	1 186	1 230	1	0 172	1 20	1 124	1 150	1 204
72		193	1 200	1 268	1 148	1 184	1	0 170	1 174	1 16	1 124	1 150	1 188
72		193	1 206	1 256	1 156	1 186	1	0 170	1 172	1 10	1 124	1 150	1 192
71		193	1 216	1 268	1 146	1 192	1 248	1 170	1 174	1 16	1 124	1 154	1 196
71		193	1 206	1 256	1 156	1 186	1 232	1 170	1 174	1 10	1 126	1 150	1 212
74		195	1 218	1 268	1 148	1 186	1 246	1 170	1 160	1 10	1 124	1 154	1 216
74		205	1 200	1 268	1 158	1 186	1 222	1 170	1 160	1 24	1 112	1 154	1 188

cont	sava5	ca211	ca212	1140	59	ca231	ta201	at201	ca225	w3442	ca213	ga201	ga203
75		217	1 216	1 264	1 150	1 186	1 250	1 170	1 180	1 12	1 124	1 150	1 192
75		205	1 204	1 268	1 154	1 186	1 244	1 170	1 172	1 16	1 124	1 146	1 192
78		201	1 216	1 268	1 148	1 186	1	0 174	1 172	1	0 124	1 150	1 192
78		201	1 202	1 268	1 162	1 186	1	0 170	1 174	1	0 126	1 150	1 188
77		201	1 206	1 268	1 158	1 184	1 246	1 170	1 160	1 22	1 124	1 150	1 192
77		195	1 202	1 268	1 152	1 186	1 232	1 178	1 174	1 20	1 122	1 146	1 188
80		193	1 202	0 268	1	0 186	1 250	1 178	1 160	1 10	1 124	1 150	1 208
80		195	1 200	0 268	1	0 186	1 244	1 178	1 172	1 28	1 124	1 150	1 208
81		193	1 202	0 268	1 156	1 186	1 246	1 194	1 172	1 10	1 126	1 150	1 188
81		193	1 200	0 268	1 148	1 184	1 258	1 186	1 174	1 10	1 124	1 150	1 208
84		193	1 202	1 268	1 154	1 186	1 246	1 170	1 172	1 14	1 126	1 158	1 188
84		207	1 202	1 268	1 164	1 186	1 244	1 170	1 178	1 10	1 124	1 150	1 188
83		209	1 200	1 270	1 148	1 184	1 230	1 178	1 172	1 26	1 124	1 150	1 208
83		207	1 200	1 268	1 158	1 186	1 248	1 170	1 174	1 10	1 112	1 146	1 192
86		195	1 202	1 268	1 158	1 186	1 244	1 170	1 160	1 14	1 124	1 158	1 208
86		205	1 202	1 278	1 148	1 184	1 260	1 170	1 172	1 20	1 120	1 150	1 188
87		197	1 200	1 268	1 158	1 186	1 230	1 178	1 172	1 10	1 124	1 158	1 188
87		193	1 200	1 268	1 154	1 190	1 242	1 170	1 172	1 16	1 126	1 154	1 188
90		205	1 200	1 268	1 158	1 186	1 250	1 170	1 172	1 18	1 124	1 158	1 208
90		193	1 200	1 268	1 154	1 186	1 246	1 186	1 172	1 10	1 124	1 150	1 188
89		207	1 202	1 270	1 168	1 186	1 232	1 178	0 176	1 22	1 126	1 154	1 212
89		193	1 202	1 268	1 154	1 190	1 252	1 170	0 172	1 16	1 126	1 150	1 188
89		193	1 200	1 268	1 148	1	0 244	1	0 174	1 10	1 124	1 150	1 208
92		193	1 202	1 256	1 154	1 186	0 230	1 178	0 172	1 10	1 124	1 154	1 188
93		203	1 216	1 268	1 156	1 186	0 248	1 170	1 174	1 14	1 126	1 150	1 204
93		205	1 200	1 268	1 148	1 184	0 230	1 178	1 174	1 10	1 126	1 150	1 188
95		197	1 216	1 268	1 158	1 186	1 252	1 178	1 174	1 20	1 126	1 150	1 192
95		205	1 202	1 268	1 150	1 184	1 230	1 178	1 160	1 10	1 126	1 150	1 188
96		209	1 200	1 278	1 162	1 186	1 256	1 170	1 160	1 14	1 128	1 150	1 192
96		205	1 200	1 268	1 148	1 186	1 230	1 178	1 160	1 14	1 128	1 150	1 188
140			0	0 270	1	0	0 244	1	0	0 10	1	0 150	1 188
140			0	0 278	1	0	0 254	1 186	1	0 10	1	0 158	1 188
141		201	0 200	1 272	1	0	0 244	1 170	1 172	1 10	1	0	0 216
141		193	0 200	1 270	1	0	0 254	1 170	1 160	1 10	1	0	0 212

"CATER" 09424680 controls

cont	sava5	ca211	ca212	1140	59	ca231	ta201	at201	ca225	w3442	ca213	ga201	ga203
143		193	1 200	1 278	1 148	1 184	1 252	1 170	1 184	1 18	1 124	1 150	0 192
143		195	1 200	1 268	1 158	1 186	1 248	1	178	1 18	1 124	1 146	0 188

ca219	1105	18SCA20 SC	KID
241	1 missing	173	1 100
241	1	177	1 100
235	1	173	1 100
245	1	175	1 100
235	1	173	1 103
235	1	181	1 103
241	1	173	1 103
241	1	173	1 103
235	1	181	1 106
241	1	173	1 106
241	1	173	1 106
241	1	173	1 106
241	1	173	1 109
241	1	173	1 109
241	1	173	1 109
245	1	175	1 109
235	1		0 112
235	1		0 112
243	1	181	0 112
235	1	173	0 112
241	1	173	1 115
241	1	173	1 115
241	1	173	1 115
241	1	173	1 115
241	1	173	1 115
241	1	173	1 118
241	1	173	1 118
241	1	173	1 118
241	1	177	1 118
241	1	173	1 121
241	1	173	1 121
241	1	173	1 121
235	1	181	1 121
	0	173	1 124
	0	173	1 124

264217 " 0999/680
controls

ca219	1105	18SCA20 SC	KID
241	1	173	1 124
241	1	177	1 124
241	1	173	1 127
241	1	173	1 127
243	1	173	1 127
239	1	173	1 127
235	1	181	1 130
235	1	181	1 130
241	1	173	1 130
241	1	173	1 130
243	0	181	0 133
235	0	173	0 133
245	0	181	0 133
235	0	173	0 133
243	1	173	1 136
235	1	181	1 136
241	1	173	1 136
241	1	173	1 136
241	1		0 139
243	1		0 139
235	1	181	0 139
241	1	177	0 139
241	1	173	1 145
241	1	173	1 145
241	1	173	1 170
245	1	177	1 170
241	1	173	1 170
243	1	175	1 170
243	1	173	1 173
241	1	173	1 173
235	1	181	1 173
241	1	173	1 173
241	1	173	1 176
235	1	181	1 176

4. 7. 1994

ca219	1105	18SCA20	SC	KID
241	1	175	176	176
235	1	177	176	176
241	1	173	179	179
241	1	177	179	179
241	1	173	179	179
241	1	181	179	179
241	1		0 82	0 82
241	1		0 82	0 82
241	1	173	182	182
241	1	173	182	182
241	1	173	185	185
241	1	173	185	185
241	1	173	185	185
241	1	173	185	185
	0	173	188	188
	0	173	188	188
235	1	173	188	188
235	1	181	188	188
245	1	173	191	191
241	1	173	191	191
241	1	181	191	191
241	1	173	191	191
241	1	173	194	194
241	1	173	194	194
241	1	177	194	194
235	1	181	194	194
241	1	173	197	197
245	1	173	197	197
221	1	173	197	197
241	1	173	197	197
	0		0 142	0 142
	0		0 142	0 142
241	1	173	1 142	1 142
241	1	173	1 142	1 142

ca219 0959/680
controls

ca219	1105	18SCA20	SC	KID
241	1	177	1	145
235	1	181	1	145

AHR RESULTS IN DISEASE CHROMOSOMES

	SAVA5	CA211	CA212	18S1140	18S9	TA201	CA231	AT201	CA225	W344
SAVA5	0.04 2%				0.07 4%					
CA211	2-3									
CA212										
18S1140					0.70 12%		1.92 30%		1.28 20%	
18S9	2-6			2-4		2.11 10%	2.45 18%	0.53 10%	1.16 12%	4.18 17%
TA201					4-3		0.68 3%	1.34 10%	0.02 2%	0.68 8%
CA231				2-2	4-2	2-4			0.89 16%	
AT201					4-2	3-2			0.18 4%	0.03 4%
CA225				2-3	4-3	3-3	2-3	1-1		
W3442					4-1	3-1	2-1	2-1		